

HIPPOLYTE BLOT

Rapport de stage

Maitre de stage :
Axel Bonnet

Tuteur enseignant :
Kheddouci Hamamache

BUT Informatique, deuxième année
Parcours : Réalisation d'application

Rapport de stage

**Répondre aux enjeux de la reproductibilité dans le
domaine de la recherche en imagerie médicale**

10 avril 2023 - 30 juin 2023

Maître de stage : Axel Bonnet, Ingénieur de recherche
Tuteur pédagogique : Hamamache Kheddouci, Professeur

Établissement :

Université Claude Bernard - Lyon 1
Institut Universitaire de Technologie
Département informatique

43 Boulevard du 11 Novembre 1918
69622 VILLEURBANNE Cedex
Tél : 04-72-69-21-90

Organisme d'accueil :

Laboratoire CREATIS, 21 Av. Jean
Capelle O, 69100 Villeurbanne

Employeur :

CNRS Délégation Rhône Auvergne
2 Av. Albert Einstein, 69100
Villeurbanne

Fiche technique

| Questions | Réponses |
|---|---|
| Dans quelle organisation à lieu le stage ? | Au laboratoire CREATIS (employeur : CNRS) |
| Quelle est l'activité de l'organisation ? | La recherche en imagerie médicale |
| Quel est le sujet du stage ? | La réalisation d'un dashboard lié à l'étude de la reproductibilité d'application d'imagerie médicale du portail VIP |
| Le sujet est-il indépendant ou s'inscrit-il dans un projet plus large ? | Mon stage s'inscrit dans le projet ReproVIP visant à étudier et améliorer la reproductibilité des résultats obtenu avec la plateforme VIP |
| Qu'est ce que VIP ? | VIP est un portail web développé au sein de CREATIS mettant à disposition de chercheurs du monde entier des applications d'imagerie médicale |
| A quel besoin répond le travail effectué ? | Le dashboard à pour objectif de représenter la reproductibilité des résultats d'application d'imagerie virtuelle, à l'aide de visuels |
| A qui le travail est-il destiné ? | Le dashboard à pour but d'être utilisé par des membres du laboratoire mais aussi, sur certaines fonctionnalités, par n'importe quelle personne s'intéressant à la reproductibilité |
| Quels objectifs doivent être atteints ? | A l'issue du stage, le dashboard doit permettre une première version de la visualisation de la reproductibilité d'applications d'imagerie virtuelle |
| Quels sera son devenir ? | Le dashboard continuera d'évoluer de manière incrémentale, en ajoutant le support de nouvelles applications par exemple |
| Quelles sont les contraintes de temps ? | Au termes du stage, l'objectif est d'avoir une démonstration des possibilités qu'offre le dashboard |
| Y a-t-il des informaticiens au sein de l'organisation ? | Oui. Le laboratoire possède un service informatique dont font partis plusieurs ingénieurs et techniciens de recherche |
| Est-ce que vous travaillé seul ? | Jusqu'à présent, j'étais seul sur le développement du dashboard. Cependant, mon maître de stage ainsi que le reste de l'équipe VIP ont été très présent pour me guider et m'épauler dans sa réalisation |

Fiche technique (suite)

| Questions | Réponses |
|---|--|
| Quel est le matériel utilisé ? | Un ordinateur fixe, un clavier, une souris, un casque audio et une caméra (pour les réunions) auront été mis à ma disposition |
| Quels sont les langages utilisés ? | Majoritairement Python, mais aussi SQL ainsi que des technologies web comme HTML, CSS et JavaScript |
| Avez-vous dû apprendre un nouveau langage ? | J'avais déjà pu utiliser les technologies demandées, mais mon niveau n'était pas suffisant en Python particulièrement. J'ai donc dû me former |
| Quelles méthodes de gestion de projet aura été utilisée ? | En termes de gestion des tâches dans le temps, j'ai utilisé l'outil Trello (mentionné plus tard dans le rapport) pour définir les actions à effectuer, les partager avec mon équipe et inversement. Les discussions et réunions régulières avec mon maître de stage et le reste de l'équipe, permettant d'orienter la livraison incrémentale du projet, évoquent des méthodes agiles tel que Scrum |
| Combien de temps vous a-t-on laissé pour rédiger votre rapport de stage ? | J'ai pu écrire mon rapport en grande partie sur mon temps de travail. J'ai rédigé, dès les début, des bilans hebdomadaires retranscrit dans le rapport. J'ai réellement débuté la rédaction de celui-ci le dernier mois, en y passant environ 5 heures par semaine au début, jusqu'à une dizaine les dernières semaines. Mon équipe s'est fortement investie dans la rédaction de celui-ci ainsi que dans la préparation de ma soutenance en m'entraînant et me conseillant. |

Remerciements :

Tout d'abord, je tiens sincèrement à remercier M. Axel Bonnet, mon maître de stage, qui m'a permis de vivre cette expérience au sein du laboratoire CREATIS. Il m'aura, au long des douze semaines, accompagné, conseillé et guidé dans la réalisation de mes tâches. Parallèlement à ce suivi, il m'aura accordé une confiance, une autonomie et une liberté dans l'imagination de solution pour répondre aux problèmes donnés. Grâce à des échanges réguliers autour de l'avancé du projet, il m'aura permis de découvrir l'environnement du laboratoire tout en développant mes compétences.

Je tiens également à remercier chaleureusement Mme. Sorina Pop, M. Gaël Villa, M. Alexandre Cornier ainsi que les autres membres de l'équipe Informatique et développement, qui m'auront guidé et aidé durant l'entièreté de mon stage. Leurs expertises dans les domaines auxquels j'ai été confronté m'aura été grandement utile et formatrice. Au-delà de l'aspect technique, ils m'auront également fait découvrir le fonctionnement du laboratoire et plus généralement de la recherche publique. Leur bienveillance et leur soutien m'auront permis de rapidement m'intégrer, de comprendre le fonctionnement de mon environnement et de m'y épanouir.

De manière plus générale, je remercie l'ensemble des membres du laboratoire pour les douze semaines qu'ils m'auront fait passer. En effet, j'ai très sincèrement apprécié travailler au quotidien au sein de CREATIS. La bienveillance des autres membres ainsi que les différents événements ayant eu lieu dans le laboratoire n'auront fait que renforcer ce sentiment et c'est avec grand plaisir que j'y poursuivrai mon travail, en alternance.

Lors de ce stage, j'ai pu mettre en pratique les connaissances acquises lors de ma formation à l'IUT. J'ai alors eu l'occasion de réaliser l'utilité et la qualité de l'enseignement dispensé, et c'est pourquoi je tiens à remercier l'ensemble du corps enseignant de ma formation. Les modules que j'ai pu suivre, qu'ils soient directement liés à l'informatique ou plus généraux, m'auront permis d'atteindre mes objectifs durant ce stage.

Je remercie tout particulièrement M. Hamamache pour ses conseils ainsi que son accompagnement. L'environnement de mon stage, un laboratoire, étant relativement atypique, j'ai fortement apprécié être suivi par un enseignant ayant connaissance du milieu.

Enfin, je remercie également Mme. Debuté qui, grâce à ses différents enseignement et à son accompagnement durant ma recherche de stage, m'aura aidé à réaliser au mieux cette expérience professionnelle. Les différentes notions étudiées en cours de communication et les réalisations du module de P.P.P m'ont non seulement permis d'obtenir ce stage, mais également de m'intégrer au mieux au laboratoire. Plus généralement, je remercie l'ensemble du corps enseignant de l'IUT pour les connaissances qu'ils m'ont transmises et dont j'ai pu constater la qualité et l'utilité lors de ce stage.

Sommaire :

| | |
|---|----|
| Glossaire | 5 |
| Introduction | 6 |
| I – Présentation de l’environnement | 7 |
| I.1 – L’organisme : CREATIS..... | 7 |
| I.1.1 – Introduction..... | 7 |
| I.1.2 – Orientation de la recherche..... | 7 |
| I.1.3 – Organisation des ressources humaines..... | 7 |
| I.2 – La plateforme : VIP..... | 8 |
| II – La crise de la reproductibilité | 9 |
| II.1 – Origine de la crise..... | 9 |
| II.2 – La reproductibilité dans l'imagerie médicale..... | 9 |
| II.3 – Solutions envisagées..... | 10 |
| III – Projet, réalisations et compétences acquises | 11 |
| III.1 – Définition du projet..... | 11 |
| III.1.1 – Problématique..... | 11 |
| III.1.2 – Le projet ReproVIP..... | 11 |
| III.2 – Réalisations..... | 11 |
| III.2.1 – Le dashboard..... | 16 |
| III.2.2 – L'extension de conversion..... | 30 |
| IV – Bilan | 36 |
| Conclusion | 39 |
| Sources | 40 |
| Annexes | 41 |

Glossaire :

Le vocabulaire spécifique et technique est décrit dans ce glossaire. Les termes indexés ici seront régulièrement cités dans ce rapport. Leur compréhension est donc essentielle.

| Terme | Définition |
|---------------|--|
| Dashboard | Traduction anglaise de tableau de bord. Dans le contexte du stage, il désigne un portail web interactif. |
| Workflow | Traduction anglaise de flux de travail. Dans le contexte de la plateforme VIP, un workflow correspond à un ensemble de tâches générées et exécutées par VIP en utilisant un moteur de workflows. |
| Kanban | La méthode Kanban est un système de gestion visuelle des tâches qui favorise la transparence et l'efficacité en utilisant des tableaux et des cartes pour représenter et suivre le flux de travail. |
| Open-source | Open-source désigne des logiciels, des projets ou des initiatives dont le code source est accessible publiquement et peut être utilisé, modifié et distribué par quiconque. Favorise la collaboration, l'innovation et la transparence. |
| Framework | Un framework est une structure ou un ensemble d'outils qui facilite le développement de logiciels en fournissant des fonctionnalités prédéfinies et des conventions de codage. |
| Spectroscopie | La spectroscopie (dans le cadre du rapport, la spectroscopie par résonance magnétique nucléaire du proton in vivo) analyse la composition chimique des tissus biologiques en utilisant les propriétés magnétiques des protons. Elle permet de mieux comprendre le métabolisme et d'obtenir des informations non invasives sur les pathologies. |
| Métabolite | Un métabolite est une molécule produite lors du métabolisme, qui joue un rôle dans les processus biologiques et peut fournir des informations sur l'état métabolique d'un organisme. |
| cQUEST | cQUEST est une application proposée sur la plateforme d'imagerie médicale VIP qui vise à quantifier la présence de métabolites d'après des résultats de spectroscopie. Elle a été développée par Hélène Ratiney, directrice d'une équipe de recherche à CREATIS |
| BraTS | Application permettant la segmentation de tumeur (délimitation de celle-ci) à partir de résultats d'imagerie par résonance magnétique (IRM). Elle est proposée sur le portail VIP. Elle est composée d'étapes de pré-traitement avant la segmentation. |
| Voxel | Un voxel est un élément utilisé dans les environnements tridimensionnels, similaire à un pixel dans les images 2D. Le terme "voxel" est une contraction de "volume" et "pixel". |
| Métrique | Une métrique est une mesure quantitative utilisée pour évaluer un phénomène ou quantifier un aspect spécifique. |

Introduction :

« *Non-reproducible single occurrences are of no significance to science* », Karl Popper, *The Logic of Scientific Discovery*, 1934

Depuis mon entrée dans les études supérieures, j'ai porté un intérêt grandissant au monde universitaire et à la recherche. Il s'agit de l'une des raisons m'ayant incité à effectuer un stage de deuxième année du BUT Informatique au sein du laboratoire CREATIS, du 10 avril au 30 juin 2023.

CREATIS (Centre de Recherche en Acquisition et Traitement de l'Image pour la Santé) est un laboratoire de recherche en imagerie médicale. C'est dans le service Informatique et Développement de cette organisation, et plus particulièrement dans l'équipe de la plateforme VIP, que j'ai été employé.

En plus de mon intérêt pour le milieu de la recherche, je cherche à ce que mon travail fasse sens à mes yeux. Un domaine comme la santé répond parfaitement à cette exigence, ce qui a également renforcé mon intérêt pour cette offre.

N'ayant pas encore pris de décision quant au secteur dans lequel je souhaiterais travailler à la suite de mes études (laboratoire ou entreprise), j'ai également perçu ce stage comme un moyen de découvrir l'environnement de la recherche publique.

Le déroulement du stage, au cours de douze semaines, a été rythmé par une mission principale. Celle-ci consiste en la réalisation d'un Dashboard permettant de visualiser, d'analyser et de reproduire les résultats d'expériences réalisées à l'aide d'applications d'imagerie médicale. La finalité de cet outil est de répondre à un enjeu majeur du monde la recherche qu'illustre la précédente citation : la reproductibilité.

Ce stage m'aura permis de mieux comprendre les enjeux de la recherche, ses spécificités et son organisation. En particulier, j'ai pu travailler sur le problème de la non-reproductibilité des recherches, qui rentre en opposition avec la citation de M. Karl Popper énoncée précédemment : « *Non-reproducible single occurrences are of no significance to science* ».

Dans un premier temps, l'environnement du stage, composé du laboratoire ainsi que de ses plateformes et outils, sera exposé (I). Pour présenter de manière claire et précise cette expérience, il faudra deuxièmement définir et comprendre les enjeux de la reproductibilité, plus particulièrement dans le domaine de l'imagerie médicale (II). Une fois l'environnement et les enjeux clairement définis, le projet réalisé ainsi que les différentes tâches le composant seront décrites, tout en effectuant un parallèle avec les compétences acquises de par leur réalisation (III). Enfin, un bilan sera dressé par rapport à l'avancement du projet, à ses apports et difficultés (IV).

I – Présentation de l'environnement

I.1 – L'organisme : CREATIS

I.1.1 – Introduction

CREATIS (Centre de Recherche en Acquisition et Traitement de l'Image pour la Santé) est un laboratoire de recherche en imagerie médicale. Cette unité, situé sur le campus LyonTech - La Doua (Cf. annexe 1), se trouve sous la tutelle de plusieurs autres organismes :

- Le CNRS
- L'INSA
- L'Inserm
- L'université Claude Bernard Lyon 1
- L'université Jean Monnet Saint Étienne

Dans mon cas, j'ai été employé par le CNRS. Cependant, au sein du laboratoire, tous les employés se côtoient et peuvent travailler ensemble peu importe leur employeur.

I.1.2 – Orientation de la recherche

Le laboratoire CREATIS entreprend des recherches en poursuivant principalement deux axes :

- L'identification des grandes questions de Santé pouvant être abordées par l'Imagerie.
- L'identification des verrous théoriques en traitement du signal & des images, en modélisation & en simulation numérique dédiés à l'imagerie du vivant.

Ces deux points impliquent plusieurs domaines, ce qui justifie l'organisation des ressources humaines du laboratoire, reposant sur plusieurs équipes spécialisées dans certaines disciplines telles que les sciences et technologies de l'information et la communication, les sciences de l'ingénieur et les sciences du vivant.

I.1.3 – Organisation des ressources humaines

Le laboratoire est composé de plusieurs équipes et services permettant son bon fonctionnement (Cf. annexe 2). Voici une rapide présentation de ces structures :

Équipes de recherche

Premièrement, le laboratoire est composé de plusieurs équipes de recherche. Celles-ci sont au nombre de quatre :

- **MYRIAD** - Analyse et modélisation pour l'imagerie médicale et le diagnostic
- **ULTIM** - Imagerie ultrasonore
- **TOMORADIO** - Imagerie tomographique et radiothérapie
- **MAGICS** - RMN et optique : de la mesure au biomarqueur

Chaque équipe est composé d'une à plusieurs dizaines d'employés, sans compter les doctorants, post-doctorants, les stagiaires et les invités.

Services et plateformes

Plusieurs services existent au sein du laboratoire. Ils permettent son bon fonctionnement et l'apport de ressources nécessaires aux recherches.

- Le service administratif et financier
- Le service informatique et développement
- La plateforme VIP (Virtual Imaging Platform)
- La plateforme d'imagerie multimodale PiLoT
- Le service réseau et grilles de calculs

Autres services

Enfin, il existe d'autres équipes nécessaires au bon fonctionnement du laboratoire dédiées aux enjeux suivants :

- Partenariat Industriel - Transfert et Valorisation
- Santé et Sécurité
- Communication
- Relations internationales
- Professeurs émérites et collaborateurs bénévoles
- Formation
- Égalité

I.2 – La plateforme : VIP

VIP (pour Virtual Imaging Platform) est une portail crée et géré par une plateforme du laboratoire CREATIS. Celle-ci est composée de Sorina POP (cheffe de projet), d'Axel Bonnet (développeur principal) qui est également mon maître de stage, Gaël Villa (post-doctorant), Sandesh Patil (ingénieur de recherche) et Alexandre Cornier (ingénieur de recherche).

Existant depuis plusieurs années, VIP propose plusieurs applications permettant de simuler et d'analyser des données d'imagerie médicale. Cette plateforme est ouverte à des chercheurs du monde entier, leur apportant ainsi des ressources nécessaires à leurs recherches.

Pour fonctionner, les applications de VIP utilisent l'e-infrastructure EGI. Celle-ci consiste en une association de machines en Europe dédiées à la recherche et utilisables pour réaliser des calculs liés, entre autres, à l'analyse d'images médicales, à la bio-informatique et à la découverte de médicaments. Son utilisation permet un gain de performance significatif en termes de temps d'exécution.



Figure 1 : Logo de la plateforme VP

II – La crise de la reproductibilité

II.1 – Origine de la crise

L'une des premières traces de la mention de cette crise remonte à 2005, dans un article nommé « *Why Most Published Research Findings Are False* » publié par le chercheur John Ioannidis. Dans cet article, les difficultés rencontrées pour reproduire les résultats de recherches scientifiques sont dénoncées.

C'est quelques années plus tard, à partir de 2010, que bon nombre de papiers vont être publiés décrivant également le phénomène, lui faisant prendre de l'ampleur et le transformant en un enjeu majeur dans certains domaines de la recherche. Ce problème de reproductibilité s'applique tout particulièrement aux disciplines s'intéressant à des domaines tels que la médecine ou la psychologie, à cause de la complexité des structures étudiées par celle-ci.

Plusieurs solutions pour pallier ce problème sont émises, à commencer par une meilleure description des expériences publiées dans des articles scientifiques pour permettre de mieux les reproduire.

II.2 – La reproductibilité dans l'imagerie médicale

L'imagerie médicale, domaine de recherche du laboratoire CREATIS, est donc sujette aux problèmes de reproductibilité de manière importante. Les enjeux de la reproductibilité des recherches liées à ce domaine sont particulièrement sensibles. En effet, un résultat non reproductible ne peut être considéré comme fiable. Or, si l'on prend l'exemple d'un résultat d'IRM censé indiquer précisément la position d'une tumeur cérébrale, celui-ci se doit d'être le plus précis et juste possible.

C'est dans ce contexte que les chercheurs s'efforcent de trouver des moyens pour rendre leurs expériences reproductibles, pour assurer leur fiabilité et leur justesse. Les causes de la non-reproductibilité de certaines expériences de ce domaine peuvent se répartir en trois catégories :

- La méthodologie de recherche : Commun à tous les domaines de recherches. Les chercheurs peuvent avoir des méthodes qui varient provoquant des différences par rapport aux résultats.
- Les logiciels d'analyse : Le choix du logiciel chargé du traitement et de sa version peut influencer sur le résultat. De plus, certains logiciels sont dit non-déterministes, c'est à dire qu'ils ne produisent pas nécessairement le même résultat bien que les expériences soient les mêmes (généralement lié à l'utilisation de nombres aléatoires)
- L'environnement d'exécution : Les différences matérielles ou logicielles peuvent faire varier le résultat d'une expérience de par leur fonctionnement interne. Par exemple, les processeurs peuvent arrondir les nombres différemment en fonction de leur architecture.

Ainsi, on observe que deux des trois facteurs sont liés aux outils informatiques. Leur impact sur la reproductibilité des expériences n'est donc pas négligeable.

II.3 – Solutions envisagées

Pour imaginer des solutions à ce problème, il faut penser au public qui y est confronté. L'un des acteurs régulièrement impacté par ces problèmes de reproductibilité est **le relecteur**.

Dans le domaine de la recherche, l'évaluation par les pairs d'un travail scientifique est essentielle. Lorsqu'un chercheur sort une publication, un certain nombre de relecteurs sont chargés de comprendre, analyser et vérifier les résultats de l'article. Pour ce faire, ils peuvent généralement essayer de reproduire les expériences mises en place en essayant d'obtenir les mêmes résultats pour s'assurer de leur véracité. Or, il s'avère régulièrement impossible d'y parvenir car le relecteur ne dispose pas de toutes les informations nécessaires, ou parce qu'il obtient des résultats différents.

En effet, plus de 70 % des chercheurs indiquent ne pas parvenir à reproduire l'expérience scientifique d'un autre chercheur^[1].

L'une des solutions logiquement envisagée est d'améliorer la qualité de la documentation des expériences. Cette évolution peut passer par une meilleure description de l'expérience en indiquant plus précisément les paramètres choisis, le contexte et l'environnement lors de la réalisation et les résultats observés. De cette manière, il deviendrait alors bien plus simple pour les relecteurs de vérifier les expériences de leurs collègues et ainsi d'attester de leur exactitude.

III – Projet, réalisations et compétences acquises

III.1 – Définition du projet

III.1.1 – Problématique

Comme expliqué précédemment, la crise de la reproductibilité impacte fortement le milieu de la recherche en imagerie médicale. Une plateforme comme VIP est donc susceptible de poser des problèmes de reproductibilité par rapport aux différentes applications qu'elle propose. En plus du domaine d'application de VIP initialement sensible à cette problématique, le système permettant le fonctionnement de la plateforme apporte lui aussi un impact sur la reproductibilité des expériences.

En effet, VIP utilise l'e-infrastructure EGI qui est composé d'un grand nombre de machines réparties en Europe. Ces différentes machines possèdent des caractéristiques matérielles et logicielles susceptibles de changer et donc d'amplifier la variabilité des expériences. Il devient alors essentiel de s'intéresser à la reproductibilité des résultats fournis par VIP, pour s'assurer de la légitimité des informations publiées par des chercheurs l'utilisant.

III.1.2 – Le projet ReproVIP

Pour répondre à cet enjeu de reproductibilité, le projet ReproVIP ANR-21-CE45-0024-01) est mis en place à partir de Janvier 2022. Coordonné par Madame Sorina Pop, celui-ci a pour objectif d'étudier et de quantifier la reproductibilité des résultats produits par VIP, et de proposer aux chercheurs et relecteurs un moyen de visualiser efficacement la variabilité des applications à différentes échelles.

Le projet est composé de plusieurs livrables, dont un consistant en la réalisation d'un dashboard lié à l'étude de la reproductibilité de ses applications. Ce tableau de bord propose plusieurs moyens d'étudier la reproductibilité des applications de VIP, notamment par l'utilisation de graphiques.

C'est justement sur la réalisation de ce dashboard qu'a porté la majorité de mon stage.

III.2 – Réalisations

Le développement du dashboard aura non seulement nécessité la création de celui-ci en tant que tel, mais également de plusieurs réalisations annexes permettant son bon fonctionnement. Le projet peut être découpé de la manière suivante :

1. Développement du dashboard
2. Développement d'une extension permettant d'étendre Girder (Girder étant la plateforme hébergeant les données des expériences produites par VIP dans le cadre du dashboard)

En termes de technologies et d'outils, le travail réalisé s'appuie sur les éléments suivants :

Plateformes :

- **Virtual Imaging Platform (VIP)**

- Comme expliqué précédemment, VIP est une plateforme web permettant à des chercheurs du monde entier d'exécuter des applications d'imagerie médicale. Elle est gérée au sein de CREATIS et utilise une infrastructure européenne pour s'exécuter.



- **GitHub**

- GitHub est une plateforme en ligne qui permet aux développeurs de collaborer et de partager et versionner leur code. Elle est maintenue par Microsoft. Elle est utilisée par l'équipe de VIP pour publier le code source des livrables produits.



- **Gitlab**

- Gitlab est également une plateforme qui permet aux développeurs de partager et versionner leur code. Il s'agit d'un logiciel libre, dont une instance gérée par l'IN2P3 est utilisée par l'équipe de VIP pour collaborer et organiser les projets. Plusieurs outils liés à la gestion de projet et à l'intégration continue sont proposés.



- **Slack**

- Slack est un service de discussion en ligne incluant plusieurs fonctionnalités tel que la possibilité de créer des groupes et de partager du code. C'est l'outil principalement utilisé par l'équipe de VIP pour communiquer.



- **Trello**

- Inspiré de la méthode kanban, Trello est un outil permettant de planifier et d'organiser des tâches. Un espace de travail peut contenir plusieurs membres, ce qui permet à chacun de visualiser l'avancement des projets.



- **Girder**

- Girder est l'outil utilisé par le laboratoire pour stocker les données produites par VIP qu'il faut conserver. Il s'agit d'une plateforme open-source de gestion de données, ayant la particularité de supporter l'ajout d'extension.



Langages et technologies :

| | | |
|---------------|--|---|
| | <ul style="list-style-type: none"> • Python <ul style="list-style-type: none"> ◦ Langage de programmation polyvalent, interprété et orienté objet, connu pour sa syntaxe claire et lisible, sa vaste bibliothèque standard et son utilisation dans de nombreux domaines. |  |
| Framework | <ul style="list-style-type: none"> • Dash (Plotly) <ul style="list-style-type: none"> ◦ La réalisation du dashboard aura été réalisé à l'aide d'un framework python nommé Dash et développé par l'entreprise Plotly. Il permet de créer des sites web facilement et propose des outils permettant de produire des graphiques. |  |
| Bibliothèques | <ul style="list-style-type: none"> • Pandas <ul style="list-style-type: none"> ◦ Bibliothèque Python conçue pour la manipulation et l'analyse de données. Elle fournit des structures de données et des outils permettant de manipuler, nettoyer, transformer et analyser des ensembles de données de manière efficace. |  |
| | <ul style="list-style-type: none"> • Numpy <ul style="list-style-type: none"> ◦ NumPy est une bibliothèque Python pour le calcul numérique avec des tableaux multidimensionnels. Elle offre des fonctionnalités avancées pour les opérations mathématiques et scientifiques. Elle possède de très bonne performances, ce qui permet d'effectuer des traitement rapidement. |  |
| | <ul style="list-style-type: none"> • MySQL <ul style="list-style-type: none"> ◦ MySQL est un système de base de données relationnelle open source utilisée pour stocker, organiser et gérer efficacement de grandes quantités de données, notamment dans les applications web. |  |
| | <ul style="list-style-type: none"> • HTML, JS et CSS <ul style="list-style-type: none"> ◦ HTML, CSS et JavaScript sont les trois piliers fondamentaux du développement web. HTML (HyperText Markup Language) structure le contenu d'une page web, CSS (Cascading Style Sheets) la met en forme, tandis que JavaScript ajoute des fonctionnalités interactives et dynamiques. Ensemble, ils permettent de créer des sites web interactifs et esthétiquement attrayants. |  |
| | <ul style="list-style-type: none"> • Docker <ul style="list-style-type: none"> ◦ Docker est une plateforme de virtualisation légère qui permet de créer, déployer et gérer des applications de manière portable en utilisant des conteneurs. |  |

Formats :

- **NIFTI**

- Le format d'image NIFTI (Neuroimaging Informatics Technology Initiative) est un format standard utilisé pour stocker et échanger des données d'imagerie médicale, en particulier les données d'IRM.



- **Feather**

- Format de stockage de données rapide et léger utilisé en conjonction avec la bibliothèque Pandas. Il permet de stocker des données tabulaires de manière hautement comprimée et efficace.



Parmi les éléments cités précédemment, certains auront pu être étudié à l'IUT (Python, MySQL, Docker). Cependant, les exigences du dashboard m'auront souvent poussé à me former de manière plus approfondie sur ces technologies pour atteindre mes objectifs.

Applications d'imagerie médicale :

Bien que définis dans le glossaire, les deux applications sur lesquelles j'ai eu le temps de travailler (cQUEST et BraTS) vont être définis plus précisément ici, pour une meilleure compréhension de la suite du rapport.

A. cQUEST

cQUEST est une application permettant d'étudier et de caractériser des résultats de spectroscopie. Pour comprendre son objectif, il peut être utile de s'intéresser à ce qu'est la spectroscopie. Nous allons donc voir les grands principes de cette technique, appliquée au tissu des vivants [2]

La spectroscopie par résonance magnétique nucléaire (RMN) du proton localisée in vivo est une technique utilisée en imagerie médicale pour étudier la composition des tissus et des organes. Elle repose sur les principes de la résonance magnétique nucléaire, qui exploitent les propriétés magnétiques des atomes d'hydrogène (protons).

Lorsque le corps est soumis à un champ magnétique intense, les protons des atomes d'hydrogène s'alignent avec ce champ magnétique. Ensuite, des ondes radiofréquences spécifiques sont appliquées au corps, ce qui perturbe l'alignement des protons. Lorsque les ondes radiofréquences sont arrêtées, les protons reviennent à leur alignement initial, ce qui génère un signal détectable.

En utilisant des antennes spéciales et des techniques de localisation, la spectroscopie RMN du proton peut détecter et mesurer les signaux des protons provenant de différentes régions du corps. Cela permet d'obtenir des informations sur la composition chimique et les concentrations de diverses substances, dont les métabolites (entités étudiées dans notre cas).

La spectroscopie RMN du proton localisée in vivo est utilisée dans plusieurs domaines de recherche médicale, notamment l'étude des maladies neurologiques, des tumeurs, des troubles métaboliques et des maladies cardiaques. Elle permet d'obtenir des informations non invasives (pas d'intervention chirurgicale ou d'insertion d'instruments) sur le métabolisme et la biochimie des tissus vivants, ce qui peut contribuer à la compréhension des processus pathologiques et au développement de nouvelles stratégies de diagnostic et de traitement.

Maintenant que cette méthode a été définie, nous allons nous intéresser à l'application dont les résultats sont étudiés. Cette application, nommée cQUEST, a été développée par Hélène Ratiney (chercheuse au laboratoire CREATIS au sein de l'équipe MAGICS) et permet de quantifier la présence de métabolites d'un résultat obtenu par spectroscopie. En sortie, celle-ci produit un fichier indiquant, pour chaque métabolite, des valeurs servant à estimer leurs concentrations.

Concrètement, un résultat de spectroscopie est un signal pouvant être visualisé à la manière de la figure 2.

À noter que dans le cas de ReproVIP, une expérience est composée de plusieurs workflows, contenant eux-mêmes plusieurs signaux identiques d'un workflow à l'autre. Les workflows sont donc des ré-exécutions du même traitement sur les mêmes signaux. Les répéter permet de voir si l'application génère des différences vis-à-vis de la quantification des différentes métabolites, et donc si celle-ci pose un problème de reproductibilité.

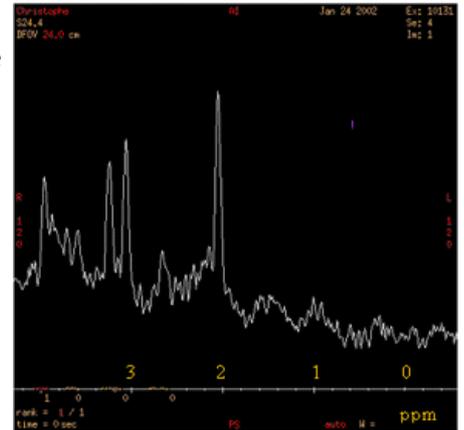


Figure 2 : Exemple de spectre de spectroscopie par R.M.

B. BraTS^[3]

BraTS est une application permettant de segmenter des tumeurs et des nécroses sur des images provenant d'IRM (image NIfTI, en 3 dimensions).

En entrée, l'application utilise des images NIfTI correspondant à des IRM de patients, a priori atteints par une tumeur. Après avoir reçu les images, BraTS effectue plusieurs étapes de prétraitement pour améliorer la position, l'orientation et la définition de l'image avant la segmentation. Enfin, BraTS génère un masque de la tumeur, c'est-à-dire un fichier indiquant la zone où celle-ci est présente (figure 3).

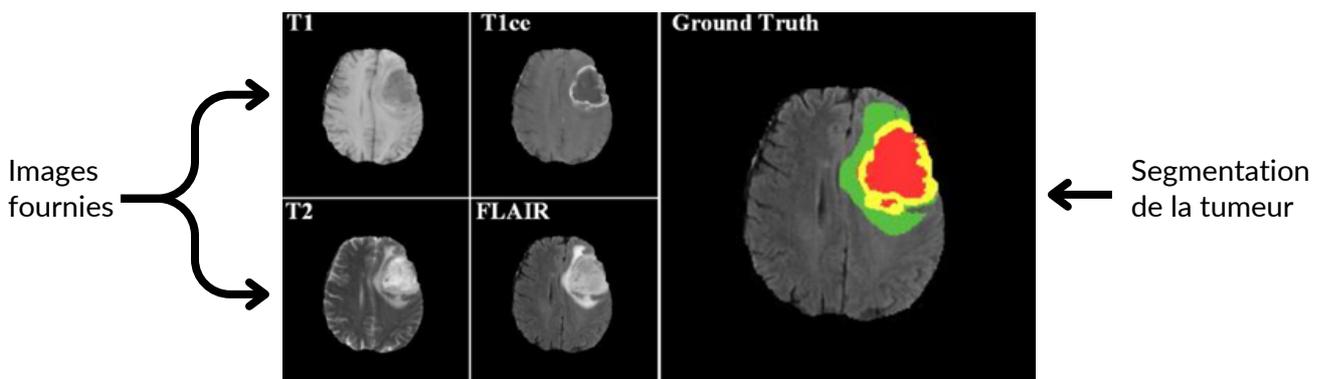


Figure 3 : Exemple d'entrées et de sorties de BraTS

La structure d'une expérience de BraTS est similaire à celle de cQUEST. Celles-ci comprennent plusieurs exécutions (équivalentes aux workflows) composées de segmentations sur plusieurs patients. En réalité, la segmentation d'un patient pour une exécution n'est pas un seul fichier, mais un dossier comprenant plusieurs fichiers NIfTI (il s'agit des images créées lors du pré-traitement et du masque final). Cependant, pour simplifier l'architecture du dashboard ainsi que sa conception, on considère que le dossier d'un patient pour une exécution est le fichier de résultat (bien qu'il contienne lui-même plusieurs fichiers intermédiaires).

Chaque réalisation va donc être détaillée, en la situant dans le temps et en indiquant sa complexité et son importance.

III.2.1 – Le dashboard

Présentation générale

Il s'agit logiquement du principal élément réalisé. Celui-ci aura débuté dès la deuxième semaine du stage (la première étant consacrée à la découverte et à l'apprentissage des technologies à utiliser). Un développement incrémental aura été choisi pour avancer sur celui-ci, permettant ainsi une meilleure flexibilité vis-à-vis des besoins susceptibles d'évoluer ainsi qu'un meilleur moyen de prendre en main les technologies le constituant.

D'un point de vue technique, le dashboard repose sur plusieurs autres technologies que voici :

- **Dash** : framework Python permettant de développer des applications d'analyse de données. Il repose sur 3 autres technologies :
 - Flask : Permet de gérer le côté serveur de l'application.
 - React : Gère la génération de l'application web.
 - Plotly.js : Construit des graphiques interactifs.
- **MySQL** : Service de base de données choisit. Indexe les différentes expériences accessibles depuis le dashboard

Celui-ci est également amené à interagir directement et indirectement avec d'autres entités :

- **Girder** : Service de stockage des données hébergé au sein du laboratoire (géré par le service informatique et développement).
- **VIP** : Portail produisant les résultats grâce aux différentes applications, crée et coordonné par Madame Sorina Pop.

Liens avec les enseignements du BUT Informatique

En plus d'être la principale réalisation de ce stage, la réalisation du dashboard concentre à elle seule la plupart des enseignements du BUT Informatique, aussi bien pour les modules liés à l'informatique que les modules plus généraux. Pour commencer, il a fallu s'intéresser à la phase de conception (cette phase aura débuté avant mon arrivée au sein du laboratoire). Celle-ci aura permis de réaliser une analyse des besoins composée de plusieurs cas d'utilisation caractérisant les services.

La modélisation, seconde phase du processus de développement, aura quant à elle permis l'élaboration de plusieurs aspects du dashboard tel que la structure de son code et de sa base de données.

Son développement, majoritairement composé de Python, mais aussi de CSS et de Javascript, aura permis de mettre en pratique les connaissances acquises lors de différents modules tel que l'algorithmique, le développement web et le développement orienté objet. La création, l'administration et la communication avec la base de données auront également fait écho aux enseignements du BUT.

D'un point de vue plus général, le contenu du dashboard étant entièrement en anglais et sa forme ayant pour objectif d'être intuitive et claire auront rappelé les différents modules d'anglais et de communication. Enfin, certaines comparaisons de données auront nécessité des connaissances en mathématiques également dispensées dans le cadre du BUT Informatique, notamment dans le module de statistiques.

Présentation fonctionnelle

Le dashboard propose plusieurs fonctionnalités permettant l'étude de la reproductibilité à plusieurs niveaux, et sous plusieurs formes. Voici donc une liste de ces principales fonctionnalités :

1 - Visualisation des résultats d'expériences passées

Cette première fonction a pour objectif de permettre aux utilisateurs de visualiser, de manière claire et détaillée les résultats obtenus par d'anciennes expériences. Cette représentation varie en fonction du type de résultat à comparer. Par exemple, une application produisant des valeurs numériques représentant des concentrations comme cQUEST sera représenté à l'aide de nuages de points ou de boîtes à moustache, tandis que des images 3D produites par BraTS se compareront à l'aide d'une nouvelle image représentant les différences ainsi que par des métriques liées à la similitude des résultats.

1.1 - Stockage des données

Comme indiqué précédemment, les résultats publics de VIP (dans le cadre de ReproVIP) sont sauvegardés sur une instance Girder, une plateforme d'hébergement de données gérée par CREATIS. Pour les indexer, lier les données de sorties aux données entrées et accéder aux informations rapidement, une base de données relationnelle est utilisée. Voici le modèle conceptuel de données que j'ai pu élaborer et que mon maître de stage aura corrigé et validé :

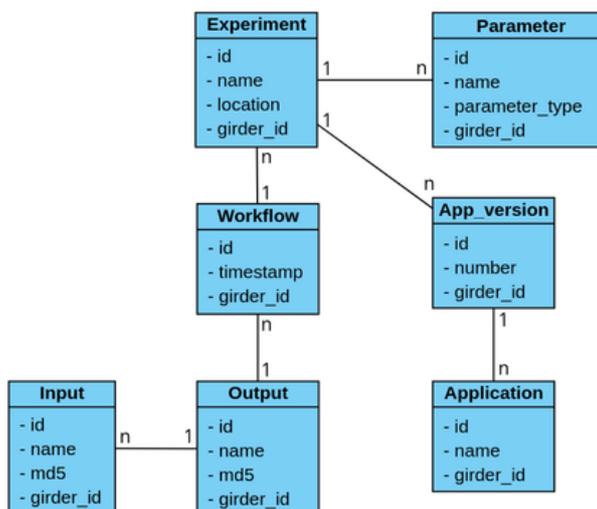


Figure 4 : Modèle conceptuel de données utilisé pour la base du dashboard

Celui-ci peut être retranscrit textuellement de la manière suivante :

Une application possède 1 ou plusieurs versions. Des expériences sont produites en association avec une version d'une application et avec un fichier de paramétrage. Les expériences sont composées de plusieurs *workflows* contenant eux-mêmes plusieurs *outputs*. La production de ces outputs s'est faite grâce aux informations énumérées précédemment ainsi qu'avec une donnée d'entrée (*input*). Ces inputs ne dépendent pas des outputs et peuvent donc être utilisés pour en produire un ou plusieurs.

Techniquement, la base de données localise les différents éléments grâce à un identifiant nommé `girder_id`. Cet attribut fait référence à un identifiant unique donné à toutes les ressources stockées sur Girder, qu'il s'agisse de dossiers, de fichiers ou de collections. De cette manière, il est possible pour le dashboard de récupérer directement un fichier en indiquant son identifiant à Girder plutôt que de devoir parcourir la hiérarchie de dossiers pour l'atteindre.

La base de données étant prête, il a ensuite été nécessaire de stocker les résultats d'expériences déjà produites sur Girder. Pour ce faire, l'arborescence des dossiers de Girder a été calquée sur l'architecture de la base.

Voici un schéma représentatif de celle-ci :

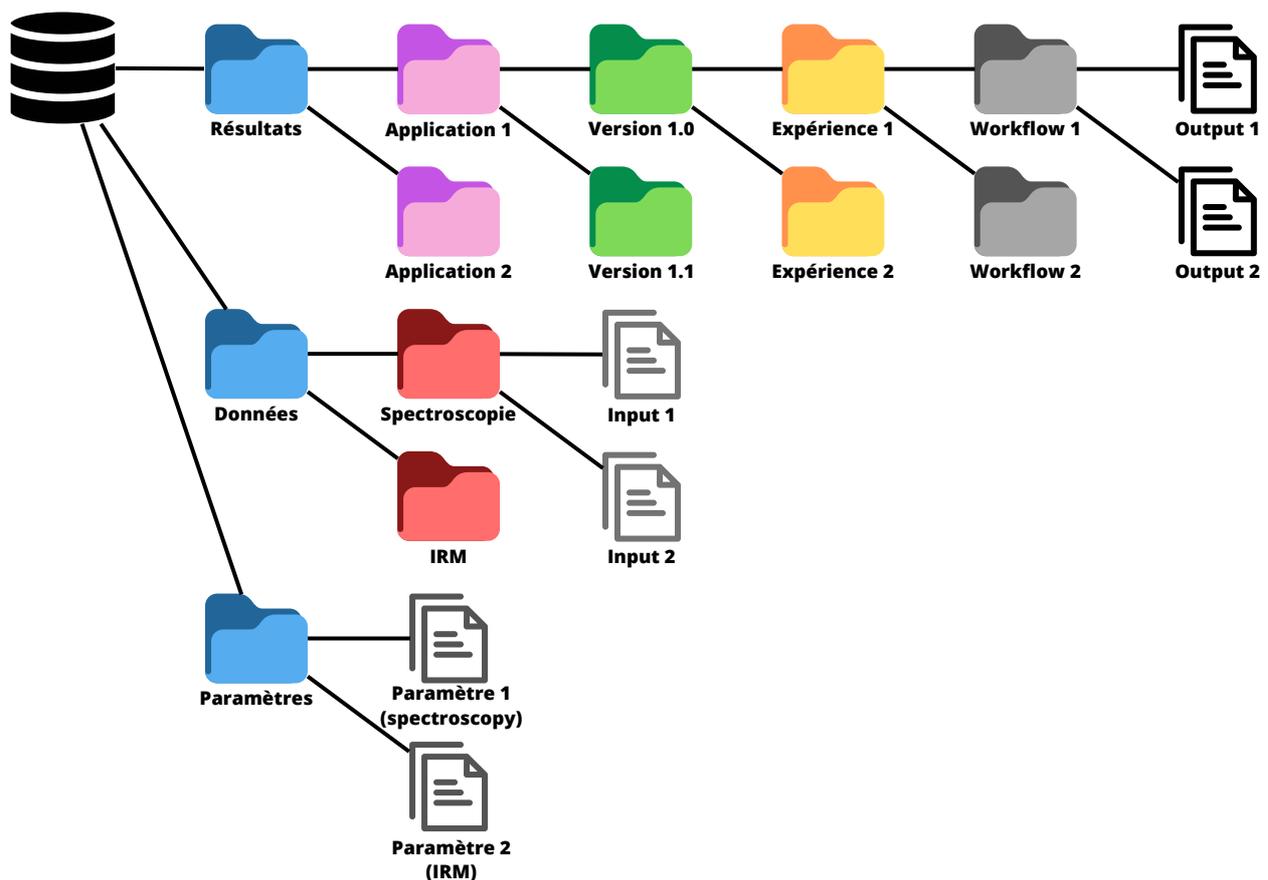


Figure 5 : Architecture de l'arborescence de stockage des données sur Girder

Grâce à ce couplage entre la base de données permettant le lien des ressources (lien entre la donnée d'entrée et de sortie et association du fichier de paramétrage aux expériences) et le système de stockage, le dashboard récupère l'identifiant girder des fichiers nécessaires pour les récupérer directement et ensuite les afficher.

1.2 – Choix de la ressource à afficher

Une fois les données stockées et rendues facilement accessibles, la conception et le développement d'une interface pour l'utilisateur s'imposent. Celle-ci doit permettre de choisir les résultats à visualiser en proposant des options de recherche et filtrage.

Il est donc possible de demander à afficher une expérience, qui est composée de plusieurs workflows, eux-mêmes composés de plusieurs résultats.

Cette sélection s'effectue directement sur le site web du dashboard. Voici le rendu de ce système :

Figure 6 : Interface de sélection

L'utilisateur peut donc décider de n'afficher que certains résultats liés à telle ou telle application, utilisant une version en particulier et correspondant textuellement à une requête en base de données permettant de ne renvoyer que les propositions en accord avec les critères demandés. Pour sélectionner une ressource, l'utilisateur n'a qu'à cliquer dessus.

1.3 – Interface de visualisation

La visualisation des résultats aura été la phase ayant demandé le plus de réflexion vis-à-vis de sa conception et de son fonctionnement. Cela est majoritairement dû à la potentielle complexité des données à afficher, ainsi qu'à la variation de leurs formes. En effet, afficher des valeurs numériques sur un graphique sera bien plus simple que de comparer des volumes en trois dimensions entre eux. Quand bien même il ne s'agirait que de valeurs, il peut également être compliqué de choisir les champs des axes des graphiques, les options possibles pour filtrer ou modifier l'affichage et les interactions disponibles.

Pour chacun des types de données à afficher, des discussions avec des membres du laboratoire familial avec ces formats ont eu lieu. Cela aura permis de mettre en place une visualisation pertinente des données, tout en proposant à l'utilisateur plusieurs options lui permettant d'adapter au mieux le rendu à son besoin.

L'utilisateur, une fois sur le dashboard, doit choisir s'il souhaite visualiser une expérience en détails (c'est à dire étudier sa reproductibilité intrinsèque) ou bien s'il préfère en comparer deux différentes (ayant un type de données de sortie comparable). Dans ce second cas, on pourrait imaginer comparer deux versions différentes d'un même logiciel ou bien de logiciels différents ayant le même objectif. Il est important de noter que ces représentations s'appuient sur des articles publiés respectivement par rapport à la reproductibilité de la quantification des métabolites grâce à la spectroscopie^[4] et à la segmentation de tumeur sur des images d'IRM^[5].

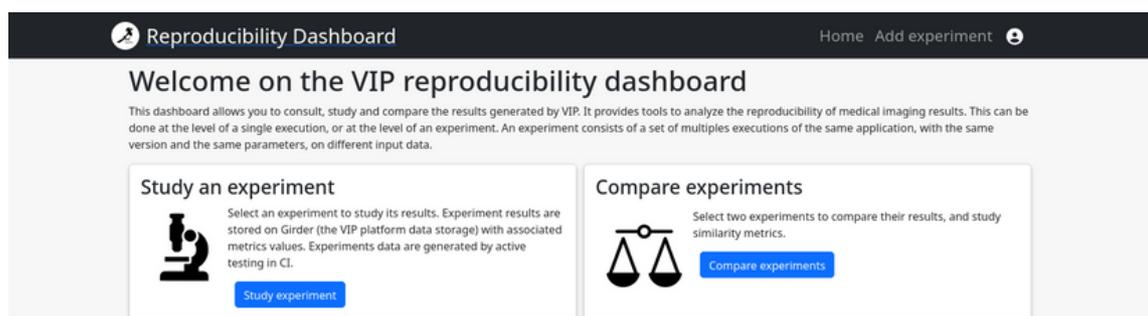


Figure 7 : Partie supérieure de la page d'accueil du dashboard

1.3.1 – Valeurs numériques liées à la spectroscopie RMN du proton localisée in vivo (cQUEST)

Nous allons tout d'abord nous intéresser à la représentations de résultats liés à des expériences de spectroscopie. Après avoir choisi l'une des options, une nouvelle page s'affiche permettant la visualisation des résultats avec une forme adaptée au type de données, et au mode de comparaison. Pour chaque type d'affichage, plusieurs options permettent de cibler les données à étudier et d'adapter leur mise en page. Par exemple, lors de l'étude d'une expérience réalisée avec une certaine version du logiciel cQUEST, l'utilisateur obtiendra un affichage semblable à celui-ci :



Figure 8 : Graphique de visualisation d'une expérience cQUEST

Les options présentes dans la partie supérieure permettent de filtrer et de modifier l'affichage des résultats. Par exemple, l'utilisateur peut choisir d'afficher tous les signaux, mais en mettant en valeur l'un d'entre eux (figure 7), afficher les résultats pour une seule métabolite, ou encore normaliser les données.

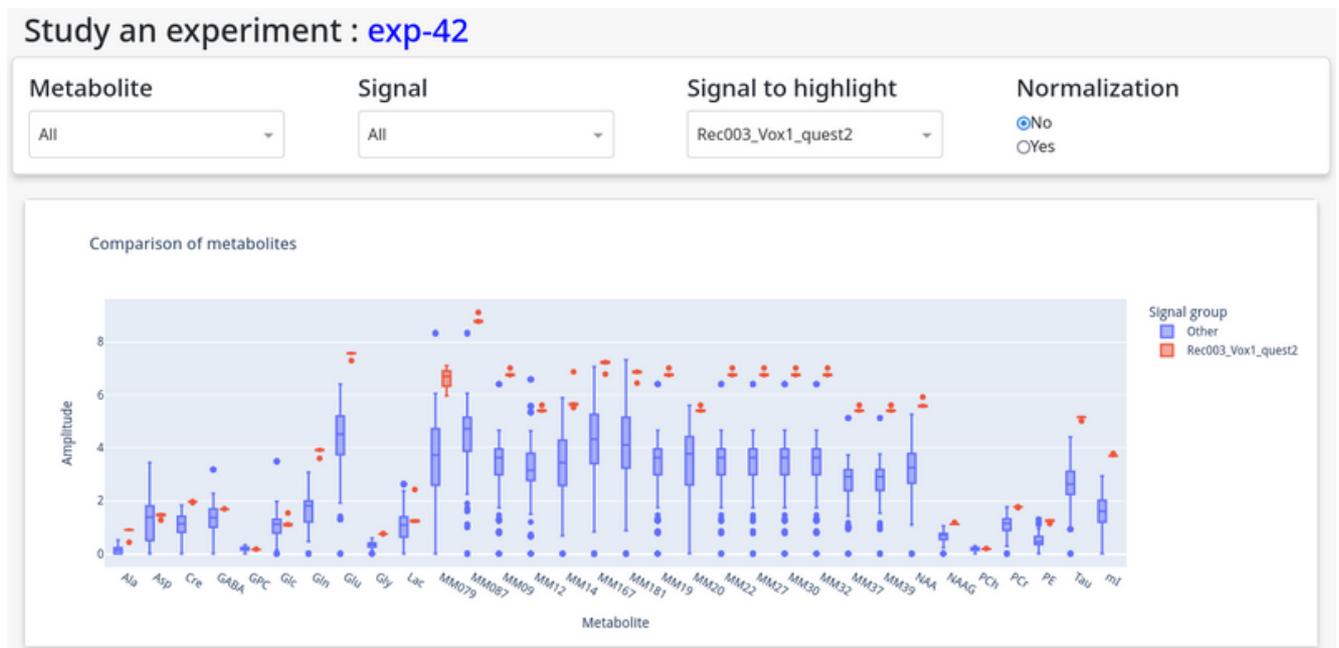


Figure 9 : Graphique de visualisation d'une expérience cQUEST en mettant en valeur un signal

Si l'utilisateur préfère choisir deux expériences à comparer, il pourra visualiser des graphiques permettant d'étudier l'accord entre les deux expériences. Dans l'exemple suivant, un tracé de Bland-Altman est affiché. Ce graphique, généralement utilisé pour comparer deux méthodes, permet de faire ressortir leur corrélation et leur variabilité. Pour le réaliser, il faut simplement calculer la moyenne des valeurs pour un résultat (par exemple, la quantification d'une métabolite pour un signal sur deux workflows). On place cette valeur en abscisse avec, en ordonnée, la valeur absolue de la différence entre les deux workflows).

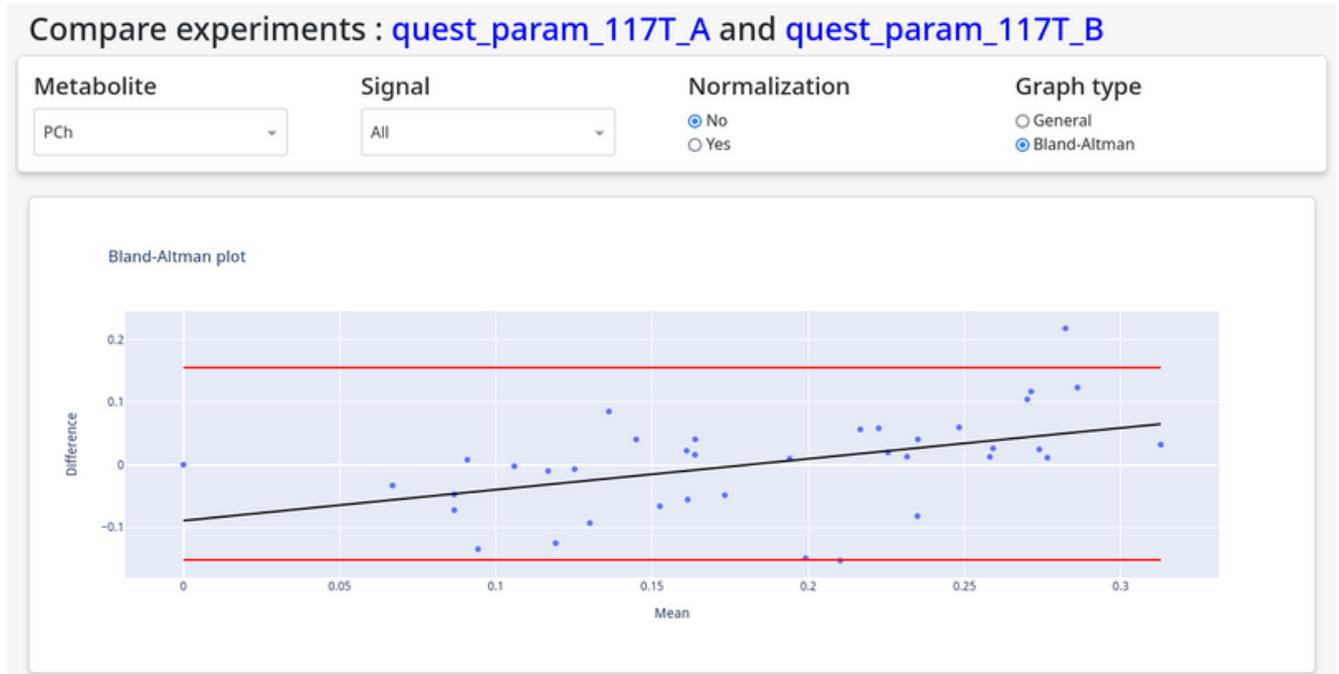


Figure 10 : Comparaison de deux expériences cQUEST à l'aide d'un tracé de Bland-Altman

L'équivalent du graphique de la figure 9 est également disponible, permettant de discerner des tendances. En l'occurrence, on observe sur la figure suivante que l'expérience "quest_param_117T_A" (en bleu) produit des résultats aux valeurs plus importantes et avec une plus grande dispersion que la seconde expérience (en rouge).

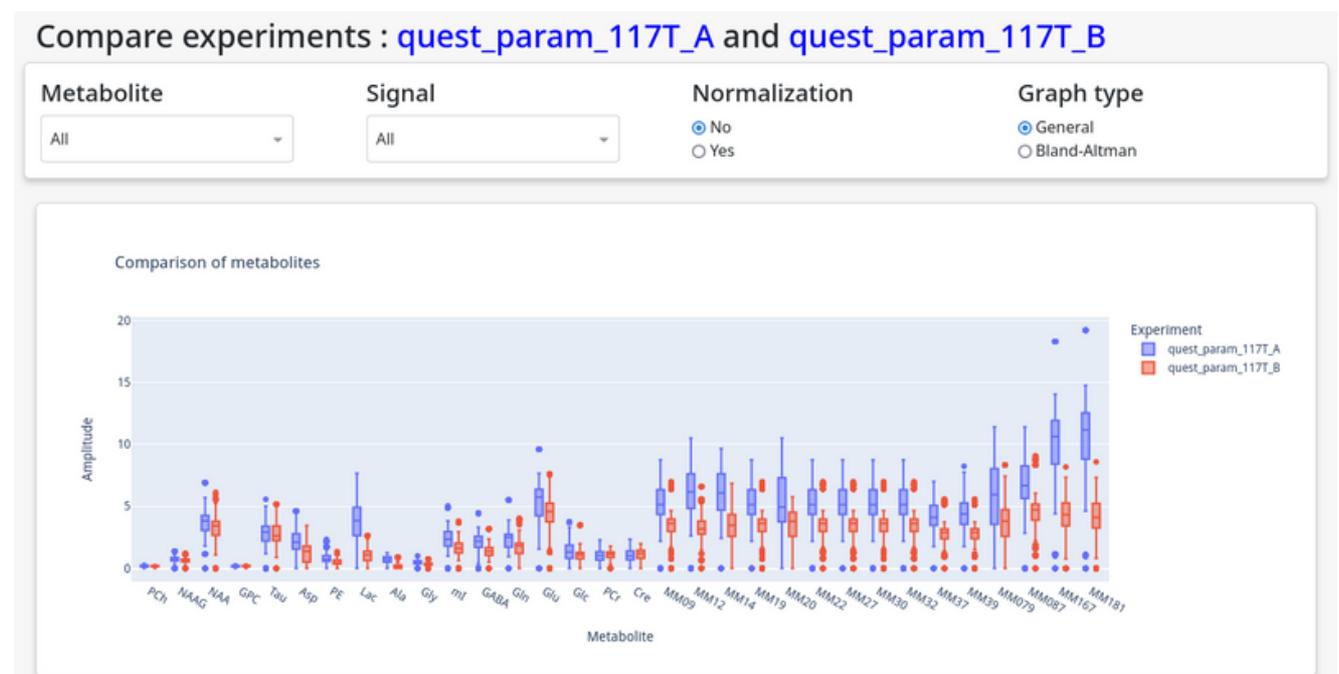


Figure 11 : Graphique de comparaison de deux expériences cQUEST

1.3.2 – Valeurs numériques liées à la segmentation de tumeur sur des images d'IRM (BraTS)

Ce deuxième cas aura été plus complexe à concevoir et à réaliser car une expérience de BraTS contient plusieurs centaines, voir milliers, d'images 3D (format NIFTI). Il est donc difficile de représenter toutes ces informations sur un graphique. J'ai tout de même eu le temps de concevoir un premier graphique utilisant une méthode présentée dans ce papier de recherche SOURCE. Son fonctionnement sera détaillé dans la partie III.2.2, consacré à l'extension qui s'occupe de ce traitement. En revanche, voici à quoi ressemble le graphique en question :

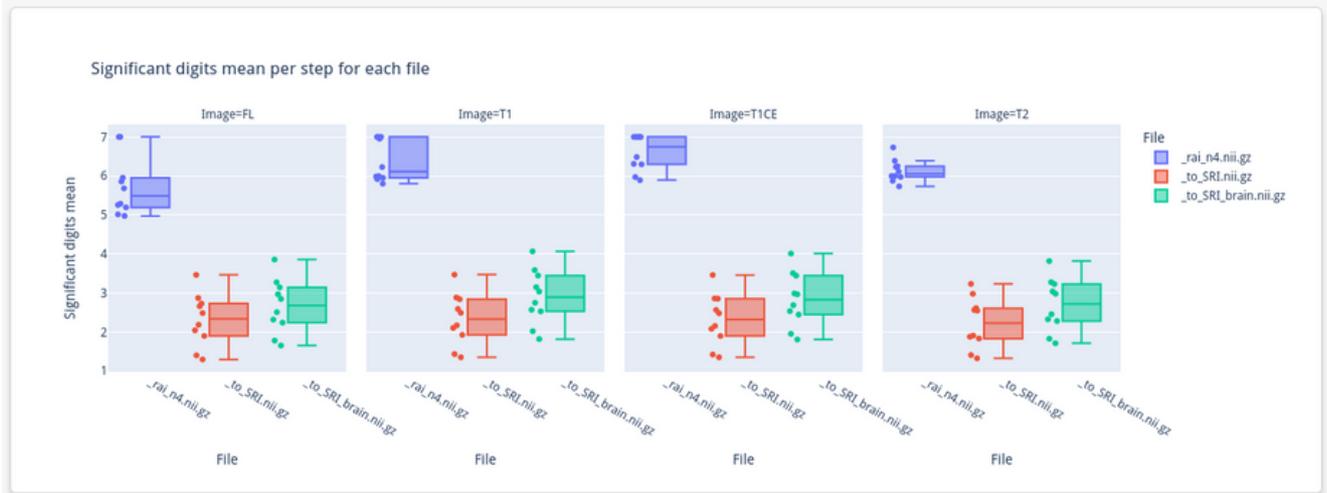


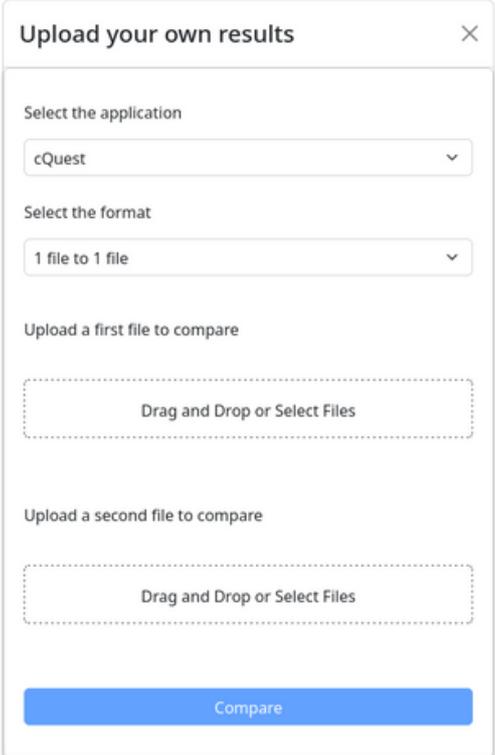
Figure 12 : Graphique de visualisation d'une expérience BraTS

Sur l'axe des abscisses, les différentes étapes du traitement sont représentées avec, en ordonné, la moyenne du nombre de chiffres significatifs par patient (cf. III.2.2). Plus ce nombre est élevé, plus les images censées être identiques le sont. En revanche, plus cette valeur tend vers 0, moins l'étape est reproductible. Autrement dit, les étapes faisant baisser le nombre de chiffres significatifs implique qu'elles produisent des résultats différents lors des répétitions d'exécutions.

2 – Visualisation de données envoyées sur le site

Le dashboard permet également d'étudier des données ne provenant pas directement de Girder. En effet, l'utilisateur a la possibilité d'envoyer ses propres fichiers représentant des résultats d'applications d'imagerie médicale pour les visualiser. Il doit au préalable sélectionner quelques options permettant de décrire les données mises en ligne telle que l'application utilisé et le mode de comparaison (comparer deux résultats un à un, comparer un groupe de résultats à un autre, ...). Il doit ensuite choisir les fichiers à envoyer depuis sa machine. Voici l'interface permettant ces interactions :

Figure 13 : Interface d'envoi de fichiers sur le dashboard



Après avoir sélectionné le bouton "Compare", une nouvelle page est présentée à l'utilisateur. Celle-ci, à l'image des pages de comparaison de la partie précédente, permet de visualiser les différences entre les résultats en fonction du type de données. En revanche, les métriques produites sont généralement moins poussées et détaillées que celles qui sont proposées avec des expériences sauvegardées sur Girder. Cela est dû à un problème de temps de traitement et de capacité de calcul, détaillé dans la partie consacrée au développement d'une extension.

Tout comme pour les expériences de Girder, le dashboard prend actuellement en charge deux formats de données :

- Fichiers de spectroscopie "quest2" (produit par cQUEST)
- Fichiers nifti (notamment produits par BraTS)

2.1 – Stockage des données envoyées

Contrairement aux expériences enregistrées sur Girder, les données des utilisateurs doivent être dynamiquement récupérées, stockées pour ensuite être affichées une fois traitées par le dashboard. Cette logique plus complexe pose également plusieurs questions liées à l'optimisation du stockage :

- Combien de temps faut-il conserver les données envoyées ?
- Si des utilisateurs envoient les mêmes données, comment éviter de les stocker plusieurs fois ?

Dans le premier cas, il aura été décidé de mettre en place un système de cache. En pratique, le dashboard va vérifier la date de création de tous les fichiers envoyés par les utilisateurs régulièrement pour supprimer les plus anciens. Ce système permet d'éviter l'accumulation de données risquant de faire saturer l'espace de stockage du serveur.

Pour répondre à la deuxième problématique, une méthode permettant d'identifier les données en fonction de leur contenu doit être trouvée. Pour ce faire, j'ai décidé de réutiliser un système déjà présent sur certains modules de la plateforme VIP. Le principe de cette méthode repose sur le hachage, plus particulièrement sur l'algorithme MD5 (Message Digest Algorithm 5). Voici une explication simplifiée de son fonctionnement :

L'algorithme récupère le contenu du fichier. Il convertit ces données en valeurs numériques (dans le cas d'un texte, il peut par exemple utiliser le code ASCII des caractères). A partir de cette valeur numérique, il applique une fonction de hachage consistant en une succession d'opérations mathématiques sur celle-ci. La nouvelle valeur obtenue correspond au hachage de notre valeur initiale et peut par exemple être reconvertie en lettres (chaîne de caractères relativement courte).

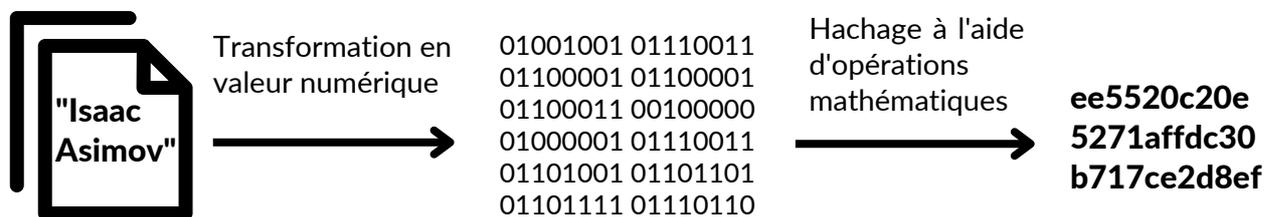


Figure 14 : Schématisation du principe de hachage

Le hachage permet donc de générer une empreinte numérique permettant d'identifier une donnée, sans pour autant la décrire de manière explicite. Cet avantage est souvent utilisé à des fins de sécurité (par exemple pour enregistrer des mots de passe de manière sécurisée) mais dans notre cas, seul le fait de pouvoir identifier la donnée rapidement en fonction de son contenu nous intéresse.

Pour en revenir au cas du dashboard, le procédé est le suivant :

- Lorsqu'un utilisateur envoie un fichier, le dashboard récupère son contenu.
- Il le hache à l'aide du MD5 pour obtenir son empreinte.
- Il enregistre ensuite le contenu du fichier localement sur le serveur, en le nommant avec l'empreinte.
- Il renvoie ensuite l'empreinte à la page web de l'utilisateur pour que celle-ci connaisse l'identifiant du fichier.
- L'utilisateur peut alors envoyer d'autres fichiers qui subiront le même procédé.
- Quand l'utilisateur demande à visualiser les données, son navigateur effectue une requête contenant les empreintes des différents fichiers précédemment envoyés.
- Le dashboard récupère les identifiants et localise localement les fichiers grâce à eux.
- Il traite les données et les renvoie au client

Ce système permet non seulement de distinguer les fichiers mais aussi d'éviter de stocker deux fois la même données. En effet, puisque le nom du fichier dépend de son contenu, si le contenu d'un fichier existe déjà sur le serveur alors le nouveau fichier le remplacera en écrasant le précédent (puisque'ils ont le même nom).

2.2 - Comparer des images d'IRM (trois dimensions)

Les images d'IRM sont l'un des principaux types de données traitées au laboratoire. Celles-ci sont généralement représenté à l'aide du format DICOM (Digital Imaging and Communications in Medicine) et NIfTI (Neuroimaging Informatics Technology Initiative). Ce deuxième format a la particularité de représenter les données émises par les IRM dans un espace en trois dimensions. La problématique de la reproductibilité poussant à comparer les résultats des applications de la plateforme VIP, il était nécessaire de trouver un moyen de comparer ce type de fichier.

Structure d'un fichier :

Les fichiers NIfTI possèdent tout d'abord un entête permettant de caractériser les données suivantes. On y retrouve notamment le format des valeurs de chaque voxel qui peut s'exprimer de différentes manières, les dimensions du volume ou encore des informations par rapport à ce que représente le fichier.

La suite du fichier sert à représenter l'image. Cette représentation s'effectue à l'aide d'une matrice à trois dimensions de voxels. Chaque voxel contient une unique valeur décrivant l'état de la matière à ce niveau du volume, généralement retranscrit à l'aide de différents niveaux de gris.

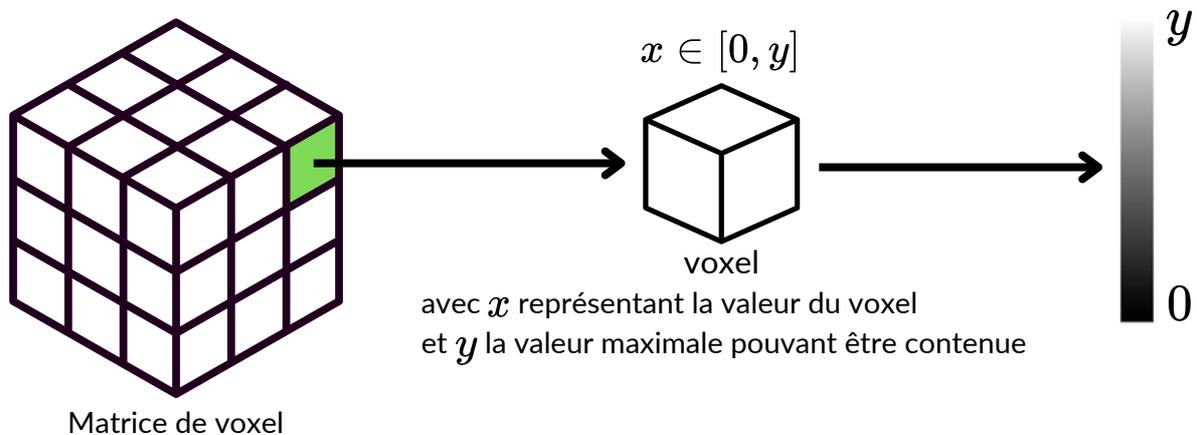


Figure 15 : Schématisation du fonctionnement des images NIfTI

On obtient alors un rendu de ce type :

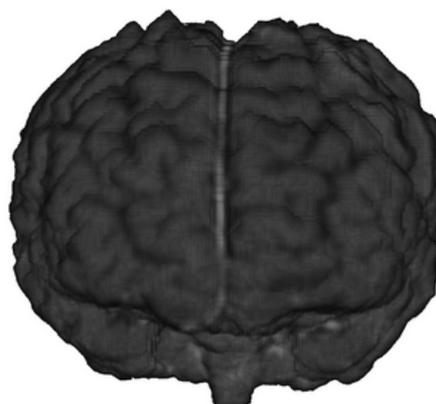


Figure 16 : Rendu d'une image NIfTI en trois dimensions

Méthodes de comparaison :

La technique la plus généralement utilisée pour visualiser des images en trois dimensions est de les diviser en tranches que l'on va ensuite regarder une à une (figure 17). Cela permet d'être confronté à une simple image, beaucoup plus facile à comprendre et à interpréter. C'est donc en partant d'image de ce type que les comparaisons s'effectueront.

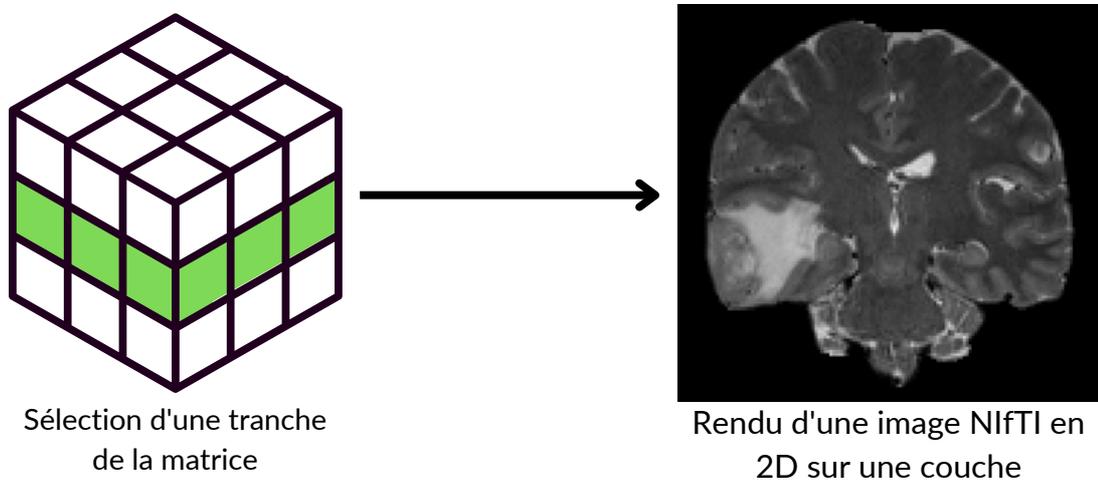


Figure 17: Schématisation de l'affichage d'une tranche d'une image 3D

On peut alors choisir l'axe selon lequel visualiser l'image, ainsi que la couche à observer dans la dimension non-représentée sur le plan.

En utilisant ce principe, deux méthodes auront été imaginées. La première est relativement simple puisqu'elle consiste simplement à comparer un à un les pixels de deux images pour en générer une troisième représentant les différences.

Plus précisément, un algorithme récupère les valeurs de chaque voxel du plan à étudier (un à un pour chaque image). On obtient alors x (valeur du voxel de la première image) et y (valeur du voxel de la deuxième image). On effectue la soustraction $x - y = z$ puis on garde la valeur absolue de z . On vient alors placer cette valeur dans le pixel correspondant dans notre image de comparaison. Voici un exemple de résultat en utilisant cette méthode :

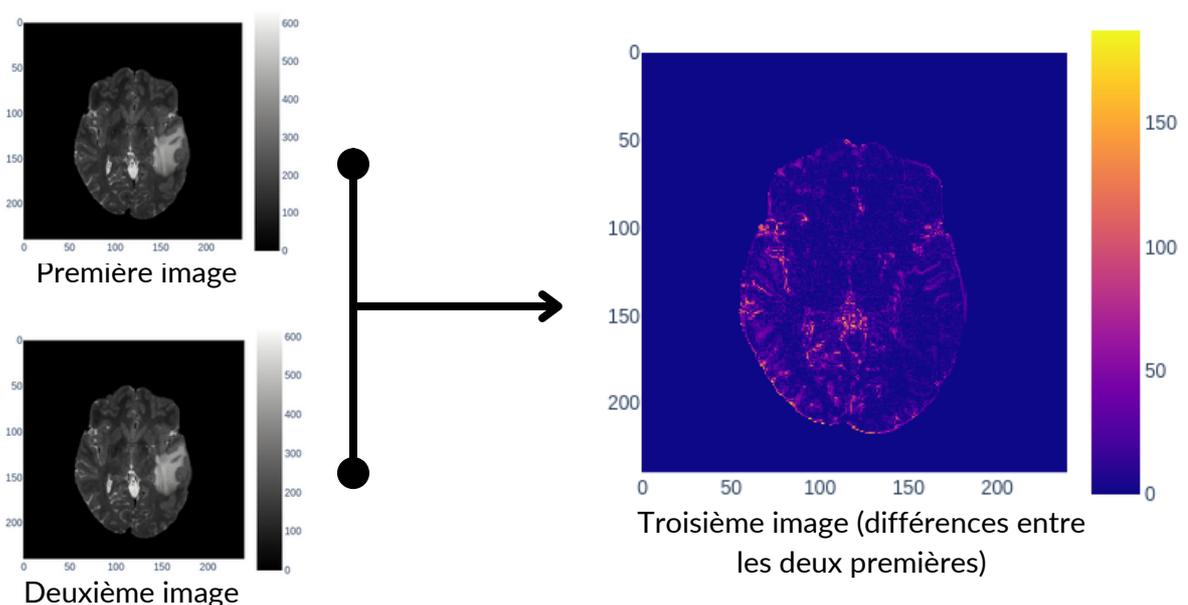


Figure 18 : Résultat produit par la comparaison pixel à pixel

Cette première méthode possède cependant un inconvénient. Pour le comprendre, il faut s'intéresser au fonctionnement des applications traitant de ce genre d'image.

Dans le plus part des cas, l'utilisateur fournit des images d'IRM (NIFTI) à l'application. Celle-ci va alors effectuer plusieurs traitements pour finir par produire un résultat particulier, comme la segmentation d'une tumeur. Pour ce faire, une étape de prétraitement est mise en place. Celle-ci vise à recalcr l'image proprement pour faciliter les étapes qui suivront. Concrètement, le recalage va modifier la position de l'objet étudié au sein du volume pour rendre son analyse ultérieure plus fiable.

Dans le cadre de la reproductibilité, étudier cette étape à un intérêt. En revanche, il peut également être intéressant de n'étudier que les étapes suivantes. Dans le cas d'une application comme BraTS, la finalité est de segmenter des nécroses et des tumeurs. Le recalage peut être différent mais la localisation de ces éléments peut être la même par rapport au cerveau. Il faut donc trouver un moyen d'ignorer, dans une certaine mesure, les différences de recalage.



Figure 19 : Explication simplifiée des différentes étapes de BraTS

Pour pallier ce problème, j'ai recherché plusieurs méthodes d'analyse d'image. L'une d'entre elle m'a semblé particulièrement intéressante : Structural Similarity (SSIM)^[6]. Cette méthode possède un avantage majeur car elle cherche à comparer la structure de deux images plutôt que les pixels un à un. Elle possède également deux autres atouts :

- Produit une image de sortie représentant les différences (contrairement à la plupart des autres méthodes qui ne retournent qu'un score de similarité)
- Possède plusieurs paramètres permettant de modifier la sensibilité aux différences

L'objectif de ce rapport n'étant pas d'expliquer son fonctionnement technique, une description de celle-ci est proposée en annexe (Cf. annexe 3). Nous allons plutôt nous intéresser au rendu proposé par la méthode SSIM dans notre cas.

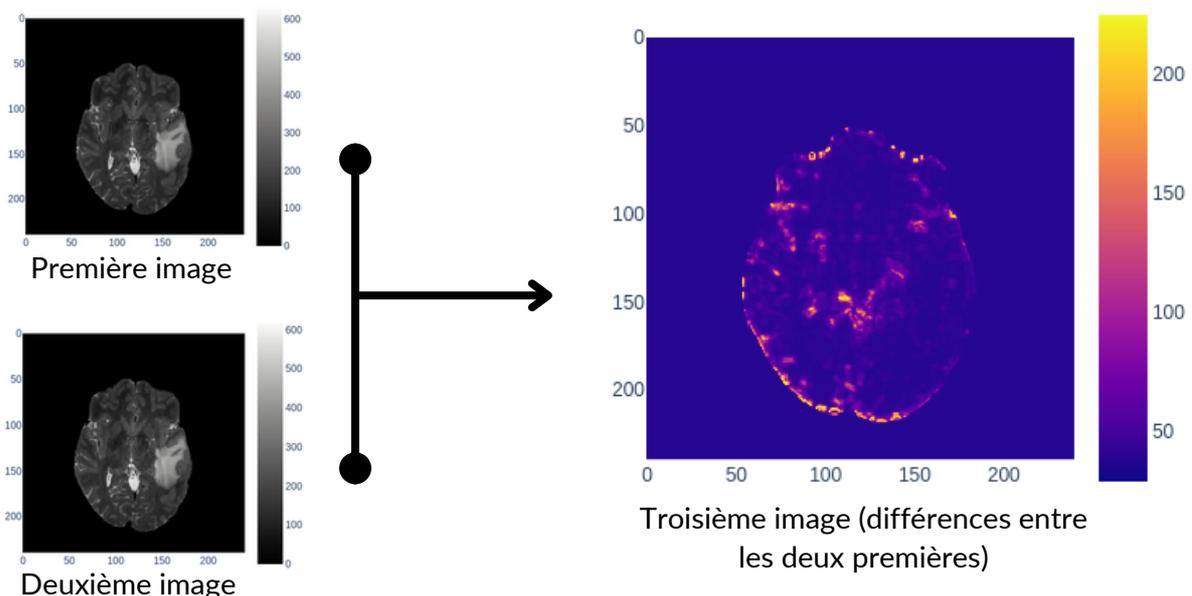


Figure 20 : Résultat produit par la comparaison avec la méthode SSIM

On observe que ce nouveau résultat met en valeur des différences localisées autrement, avec une sensibilité moindre aux erreurs de recalage (contrairement à la première méthode où la plupart des différences sont liées aux structures de l'image positionnées différemment).

De plus, les différents paramètres de la méthode (présentés en annexe) permettent d'obtenir des résultats très différents (annexe 4.1, 4.2, 4.3). Cela permettrait donc aux utilisateurs du site d'étudier différemment ces images, en fonction de leurs besoins.

Tout comme pour les graphiques de la partie précédente, plusieurs options sont disponibles pour étudier les images. L'utilisateur peut choisir l'axe de visualisation de l'image, changer le mode de comparaison (pixel par pixel ou SSIM), choisir la tranche à observer et faire varier les paramètres de la méthode SSIM :

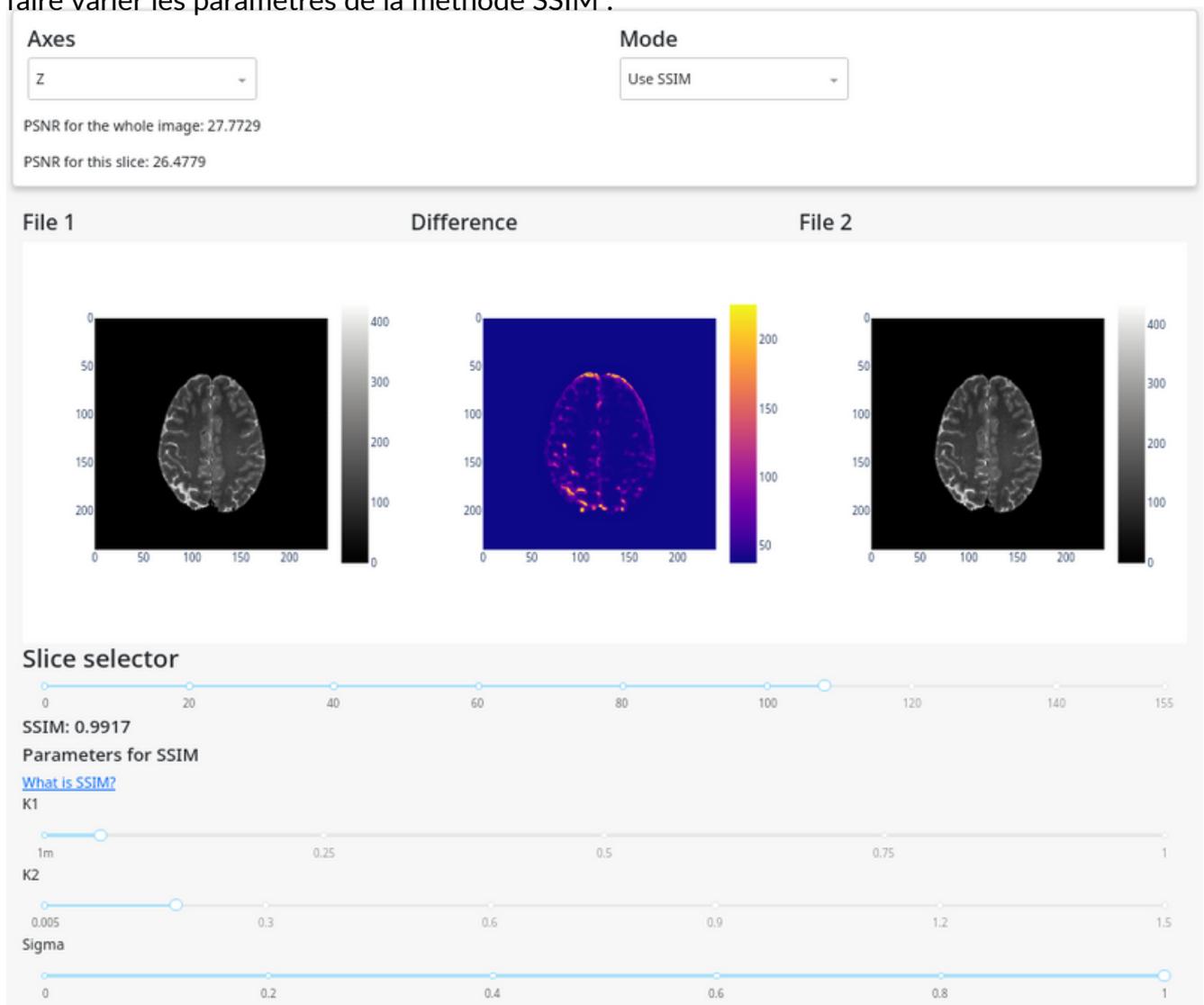


Figure 21 : Interface de comparaison d'images NIFTI

Enfin, on peut observer sur la figure précédente, au niveau de la section supérieure de l'image, une valeur nommée **PSNR**. Celle-ci correspond à l'acronyme "Peak Signal to Noise Ratio", qui est une métrique permettant d'évaluer la similarité de deux images numériques. Celui-ci est calculé pour la tranche étudiée de l'image mais aussi pour l'image dans sa globalité.

Devenir du projet

Lors de mon stage, bon nombre d'idées auront été évoquées pour enrichir le dashboard. Cependant, certaines d'entre elles semblaient trop complexes et longues par rapport à la durée du stage, tandis que d'autres nécessitaient plus de temps de réflexion vis-à-vis de leur pertinence et de leur faisabilité. Par conséquent, il s'agit d'éléments qui pourraient être implémentés dans le futur.

Parmi eux, on retrouve les idées suivantes :

- Ajout de nouveau moyen de comparaison pour les images 2D
- Système d'authentification (connexion) du dashboard lié à celui de la plateforme VIP permettant de récupérer automatiquement les exécutions des utilisateurs
- Proposer d'autres sources de données que la plateforme VIP

Pour certains de ces points, il s'agira probablement de travaux que j'effectuerai au cours de mon alternance.

Vis-à-vis de son utilisation, le dashboard servira à deux types de personnes. Premièrement, des membres internes au laboratoire travaillant sur la reproductibilité d'une manière similaire à ce qui est fait avec ReproVIP. Un deuxième cas d'utilisation concerne quant à lui tous les utilisateurs de la plateforme VIP, qui seraient intéressés par la reproductibilité de leurs résultats.

III.2.2 – L'extension de conversion

Bien que la réalisation du dashboard ait représenté la grande majorité de mon stage, j'ai également été amené à concevoir et à développer une extension pour le service de stockage de données du projet ReproVIP : Girder.

Présentation générale

Comme nous avons pu le voir précédemment, le dashboard utilise des données présentes sur Girder. Ces données ne sont en réalité pas directement produites par les applications de VIP. Cela s'explique par deux raisons :

1. L'espace de stockage
2. Le temps de calcul des métriques

Pour expliciter les points précédents, je vais prendre l'exemple des deux applications sur lesquels j'ai pu travailler.

Dans le cas de cQUEST, une exécution sur plusieurs signaux produit autant de fichiers de sortie qu'il y a de signaux. De plus, une expérience est composée de plusieurs workflow concentrant les résultats de plusieurs signaux. Par conséquent, une expérience est rapidement composée de plusieurs dizaines de fichiers de résultats, voir centaine. Hors, récupérer ces plusieurs centaines de fichiers pour en extraire les informations dès qu'un utilisateur souhaite visualiser l'expérience n'est pas envisageable en termes de temps d'attente.

Dans le cas de BraTS, le graphique présent lorsque l'utilisateur veut visualiser une expérience demande beaucoup de temps de calculs (plusieurs heures sur une machine classique). C'est pourquoi ce traitement doit s'effectuer en amont pour permettre de présenter les données à l'utilisateur directement.

C'est pour répondre à ces deux problèmes que j'ai débuté le développement d'une extension pour la plateforme Girder. A noter que seul la première partie de celui-ci aura pu être terminée, mais je prévois de le finaliser lors de ma future alternance.

Liens avec les enseignements du BUT Informatique

Cette extension (ou plugiciel) aura été bien moins vaste en matières de technologies abordées que le dashboard. Cependant, il m'aura amené à mobiliser les connaissances acquises au semestre 3 lors du module de virtualisation; module que j'ai pu trouver particulièrement difficile. En outre, ce projet aura également fait appel à des notions d'algorithmique et de programmation dispensées dans plusieurs modules. De manière plus générale, la complexité majeure de ce projet repose sur le fait que le développement d'extensions sur Girder est peu documenté. Cela m'aura amené à passer beaucoup de temps à analyser le fonctionnement de la plateforme en inspectant son code et sa base de données par exemple. Cette démarche de recherche et d'auto-formation est régulièrement prônée par certains professeurs pour nous amener à être plus polyvalent et flexible quant à l'apprentissage de nouvelles technologies.

Présentation fonctionnelle

Fonctionnellement, l'extension permet, lors de la réception de nouveaux fichiers de résultats sur la plateforme Girder, de les traiter en agrégeant et en calculant des métriques qui permettront de générer un fichier pour les centraliser. À l'image du dashboard, il a pour but de prendre en charge deux applications (pour le moment) : cQUEST et BraTS. Le processus mis en place, ou qui doit l'être, pour ces deux applications va donc être détaillé tout comme le fonctionnement global du plugin.

1 - Fonctionnement de l'extension

Pour comprendre comment fonctionne l'extension, il faut comprendre le fonctionnement de la plateforme. Girder est programmé en Python et met en place un serveur répondant aux demandes des utilisateurs en générant les pages web adéquates. Pour l'utilisateur, Girder ressemble aux applications de gestion de fichiers classiques présente sur nos ordinateurs, à ceci-près que les fichiers sont stockés sur une machine distante.

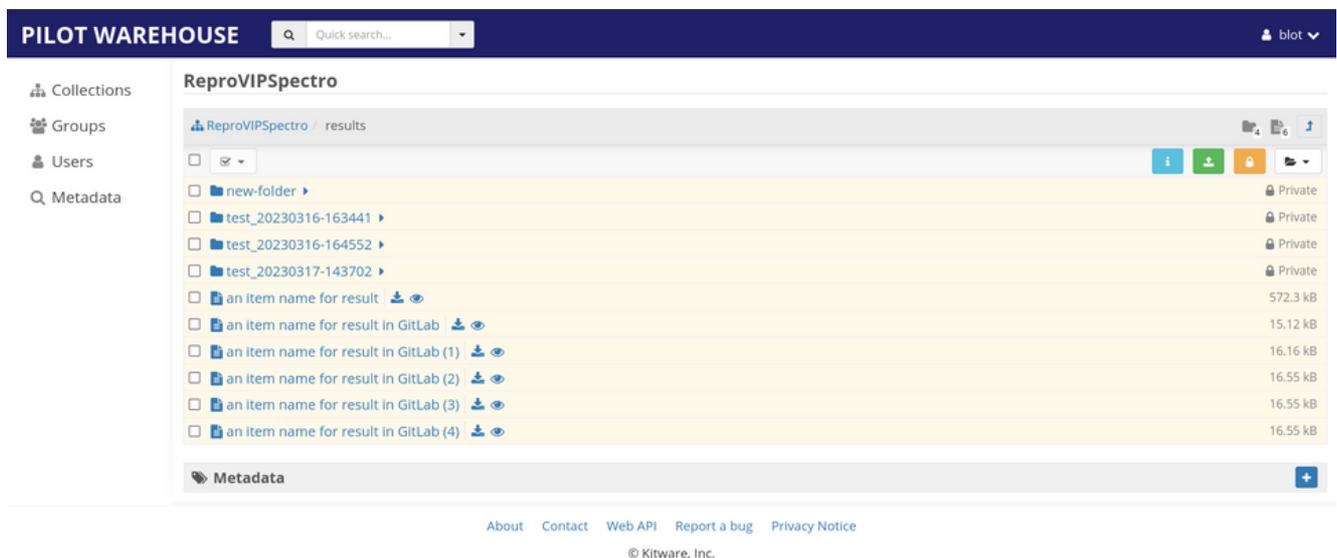


Figure 22 : Interface de Girder

Pour enregistrer les fichiers déposés, il utilise une base de données qui référence plusieurs informations tel que la hiérarchie des dossiers, les propriétaires ou les noms des fichiers. Dès qu'une action comme l'envoi, la suppression ou la modification de fichiers a lieu, un événement est déclenché (les extensions peuvent capturer ces événements pour y réagir).

L'extension que j'ai conçu va donc récupérer tous les événements d'envoi de fichiers. Une fois l'évènement capturé, plusieurs informations peuvent être analysées tel que le nom du fichier envoyé et le dossier dans lequel il a été déposé. C'est justement ces deux informations que le vérifie pour les raisons suivantes :

- L'emplacement du fichier pour voir si celui-ci est déposé dans le dossier d'une expérience
- Le nom du fichier pour m'assurer qu'il s'agisse d'un fichier de résultat. Pour cQUEST par exemple, le nom des fichiers se termine par "quest2.txt".

Dans le cas où ces deux informations confirment le fait qu'il s'agit bien d'un fichier de résultat, un traitement est lancé en fonction de l'application concerné.

2 - Traitement par application

Le traitement à effectuer dépend de l'application. En revanche, il s'agit souvent d'une tâche longue et exigeante en termes de ressources. C'est pour cette raison que mon maître de stage m'a conseillé d'effectuer les calculs à l'aide de conteneurs.

En informatique, un conteneur est une unité logicielle légère et autonome qui regroupe une application et tous ses composants nécessaires, tels que les bibliothèques, les dépendances et les fichiers de configuration. Les conteneurs offrent une méthode de virtualisation au niveau du système d'exploitation, permettant aux applications de s'exécuter de manière isolée sur un même système hôte.

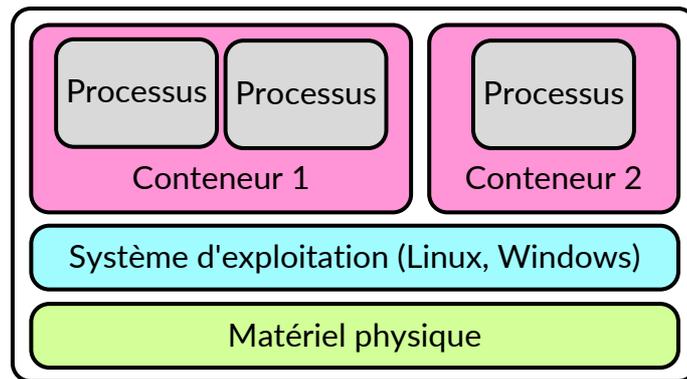


Figure 23 : Schématisation du fonctionnement des conteneurs par rapport à une machine

L'avantage d'avoir développé ce plugiciel en utilisant des conteneurs et qu'il sera très facile de déléguer l'exécution des conteneurs à d'autres machine que le serveur de Girder. De cette manière, le serveur ne sera pas surchargé par le traitement des données et ne servira qu'à remplir sa tâche initiale. L'utilisation d'un conteneur permet aussi de facilement mettre à jour son programme sans avoir à modifier le corps de l'extension, présent sur le serveur.

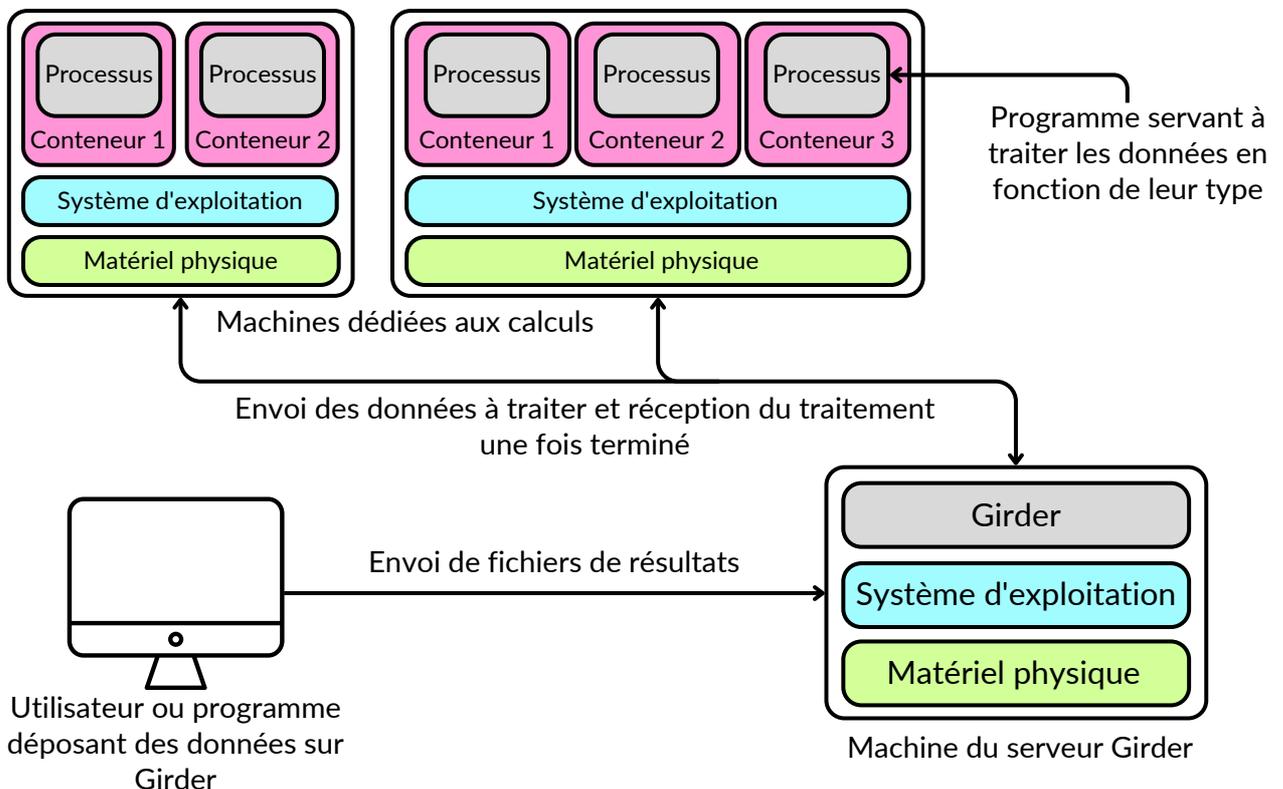


Figure 24 : Schématisation d'un potentiel système de délégation du traitement

2.1 - Traitement pour cQUEST

Comme expliqué dans l'introduction, la difficulté de l'agrégation des expériences cQUEST est en grande partie due au nombre de fichiers de résultat. Une expérience contient plusieurs workflows contenant eux mêmes plusieurs résultats. L'objectif étant d'avoir un fichier agrégeant tous les résultats, voici le principe utilisé :

- Lors de l'ajout d'un fichier de résultat dans un workflow, le processus agrège les données de tous les résultats de ce workflow et les enregistre dans un fichier également placé dans ce workflow.
- Une fois le workflow traité, le processus remonte au dossier parent, c'est à dire le dossier de l'expérience contenant les différents workflow. Il va alors récupérer le fichier d'agrégation de chaque workflow (dont le nouveau fichier qui vient d'être généré) et les agréger entre eux pour placer le résultat dans le dossier de l'expérience.

Voici ce à quoi ressemble la structure d'une expérience cQUEST :

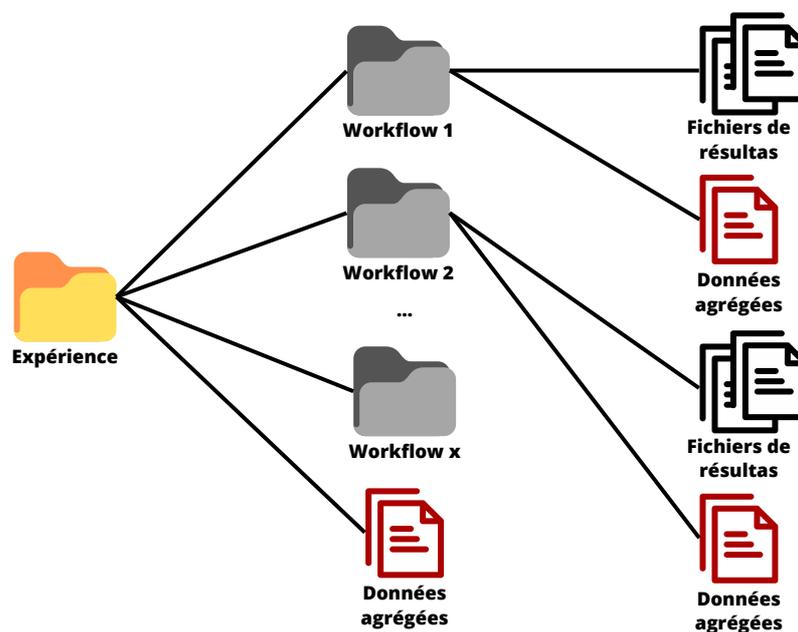


Figure 25 : Arborescence d'une expérience cQUEST sur Girder

Ce système permet d'avoir un unique fichier pour toute l'expérience sans avoir à agréger les données de tous les workflows à chaque changement, mais seulement du workflow concerné par la modification. De plus, le dashboard permet d'étudier un seul workflow si l'utilisateur le demande. Dans ce cas, c'est le fichier d'agrégation du workflow qui est chargé et non celui de l'expérience. De cette manière, on ne charge pas de données inutilement et on gagne donc en performance.

J'ai eu le temps de développer entièrement ce système lors de mon stage. Pour le tester, j'ai créé une instance de Girder sur ma machine localement et j'y ai installé l'extension.

2.2 - Traitement pour BraTS

Le cas de BraTS est différent et n'a pu être entièrement développé. Le problème majeur est lié à la taille des données. En effet, les expérience de BraTS sur lesquels j'ai effectué mes tests pèsent environ 500 GigaOctets. Cette taille significative pose problème quand au stockage des données sur Girder. Il n'a donc pas encore été clairement décidé de conserver ou non toutes les données brutes sur la plateforme. A la place, on pourrait par exemple ne conserver que des métriques de comparaison qui seraient moins lourdes à héberger.

Cependant, j'ai tout de même développé un programme permettant d'effectuer un traitement sur les images NIFTI générées par BraTS. Celui-ci à pour but de calculer le nombre de chiffres significatifs des images produites. Le nombre de chiffre significatifs sert à indiquer la précision d'une valeur. Plus le nombre de chiffre est grand, plus la valeur est précise. Pour comprendre comment ceux-ci sont calculés, il faut revenir sur la structure d'une expérience de BraTS.

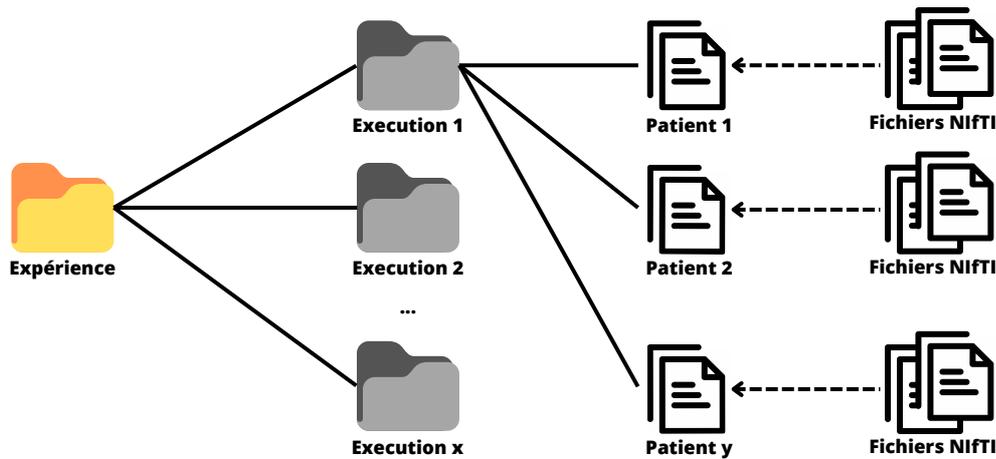


Figure 26 : Arborescence d'une expérience BraTS sur Girder

Chaque dossier de patient par exécution contient 16 images que nous voulons étudier correspondant à des étapes différentes. Un patient a donc 16 images fois le nombre d'exécutions effectuées. Il y a donc autant d'image censé être les mêmes (même patient et même étape) que d'exécution. C'est en fonction de ces images que les chiffres significatifs vont être calculés.

Le programme va donc, pour chaque patient et pour chacun des fichiers produits, récupérer une image NifTI pour chaque exécution. On obtient alors une liste d'images, a priori quasiment identiques, sur lesquels nous allons calculer le nombre de chiffres significatifs pour chaque voxel. Le calculs du nombre de chiffres significatifs pour un voxel s'effectue en grâce à la formule présente ci-dessous, où X correspond à la variable aléatoire prenant la valeur du même voxel sur toutes les images, \ln au logarithme népérien, σ à l'écart type et μ à la moyenne. Le fonction de calcul du nombre de chiffres significatif est en annexe (Cf. annexe 5).

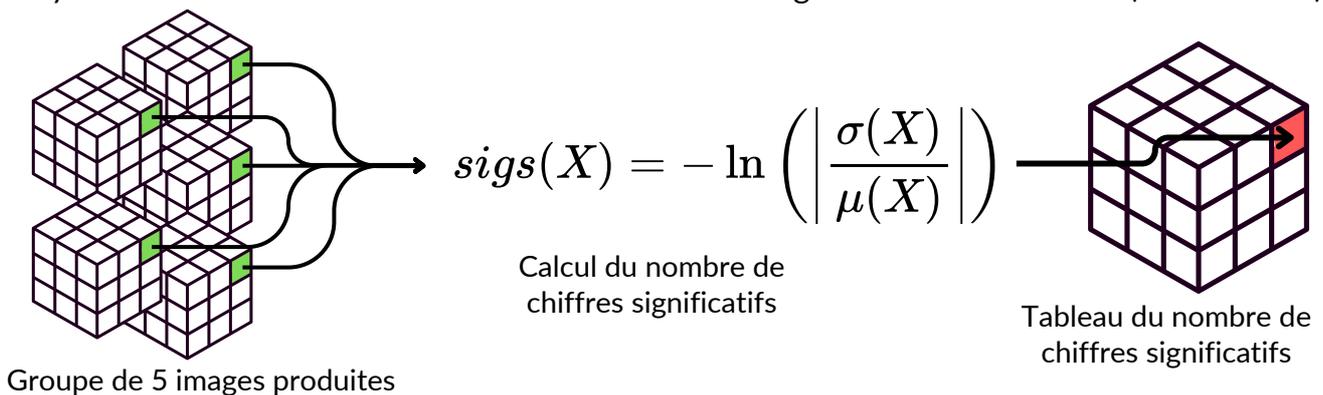


Figure 27 : Schématisation du calculs du nombre de chiffres significatifs sur un voxel

Après avoir calculé le nombre de chiffres significatifs pour un type d'image pour un patient, on calcul la moyenne obtenue pour tous les voxels. On répète l'opération pour tous les fichiers de tous les patients.

On obtient alors, pour chaque type d'image et pour chaque patient, une valeur correspondant à la moyenne du nombre de chiffre significatif de l'image. On peut ensuite afficher un graphique permettant de visualiser ces données (comme vue dans la partie dédiée au dashboard (figure 12).

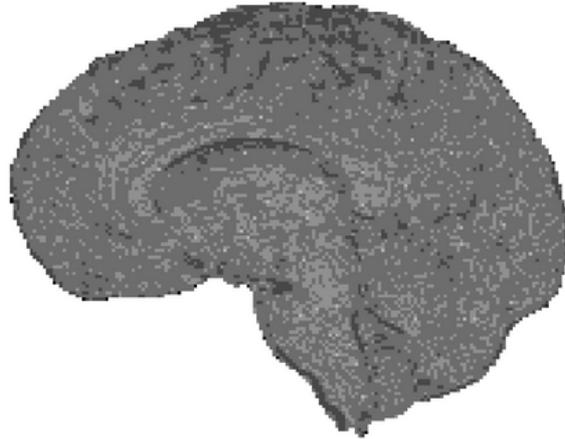


Figure 28 : Exemple d'image NIfTI générée à partir du nombre de chiffres significatifs

Devenir du projet

Comme expliqué précédemment, l'extension n'aura pas pû être finalisé dans les délais du stage. Par conséquent, il s'agi d'un travail qui pourra être repris, potentiellement par moi durant mon alternance, pour être mené à son terme et réellement implémenté sur le serveur Girder du laboratoire CREATIS.

A l'avenir, on pourrait imaginer que l'extension prenne en charge d'autres applications de VIP en fonction des besoins du dashboard.

IV – Bilan

Le bilan de ce stage sera scindé en deux parties principales. Une première portera sur mes réalisations et leurs avancements, tandis que la deuxième s'intéressera à ce que ce stage m'a apporté aussi bien techniquement, que professionnellement et humainement.

Bilan fonctionnel

Mon travail lors de ce stage m'aura amené à produire deux réalisations. Dans les deux cas, ces projets sont amenés à évoluer par la suite.

La première, le dashboard, implémente et propose les fonctionnalités suivantes à ses utilisateurs :

- Visualisation et comparaison de données d'applications d'imagerie médicale enregistrées au préalable. Prise en charge des deux cas :
 - Données liées à l'application cQUEST (signaux de spectroscopie RMN) : graphiques représentant les données brutes et tracé de Bland-Altman
 - Données liées à l'application BraTS (images IRM) : graphiques représentant la moyenne des chiffres significatifs pour les différentes étapes de traitement
- Comparaison de données envoyées sur le site. Les mêmes formats que la partie précédente sont pris en charge, mais avec une visualisation différente nécessitant un prétraitement moins lourd

Dans ces deux cas de figure, les graphiques proposés sont interactifs, en proposant plusieurs options de filtres et d'arrangement des données pour cibler certains points à étudier.

La seconde réalisation, l'extension, n'aura quant à elle pas été entièrement terminée, empêchant ainsi sa mise en service. Celle-ci se compose de trois modules :

- Fonctionnement général de l'extension : capture des événements de réception de nouveaux fichiers, récupération et vérifications des informations liées aux nouveaux fichiers...
- Traitement et agrégation des résultats produits par l'application cQUEST à l'aide de l'utilisation de conteneurs
- Traitement et production de métriques liées aux résultats produits par l'application BraTS à l'aide de l'utilisation de conteneurs

Parmi ces trois éléments, les deux premiers auront pu être réalisés entièrement. Le code métier du troisième, c'est-à-dire les algorithmes de production de métriques, auront été finalisés mais leur implémentation au sein de conteneurs n'aura pas encore été réalisée étant donné que des éléments extérieurs dont dépend ce projet ne sont pas prêts.

Bilan personnel

Cette expérience de trois mois au laboratoire CREATIS aura été très formatrice pour moi. Non seulement, j'ai pu découvrir le monde de la recherche publique, mais aussi le fonctionnement du travail dans le monde professionnel ainsi que bon nombre de connaissances techniques en imagerie médicale. Ces différents apports seront ensuite mis en parallèle avec mon projet universitaire et professionnel.

Je vais tout d'abord détailler ce premier point portant sur le milieu de la recherche. Comme exprimé dans l'introduction, il s'agissait pour moi d'un environnement qui m'intéressait fortement. Suite à ce stage, je peux réaffirmer cet intérêt grandissant. J'ai été agréablement surpris en découvrant le fonctionnement des différentes équipes du laboratoire, avec des objectifs dans leurs réalisations portés sur la production d'un résultat qualitatif et fondé plutôt que sur la quantité.

En particulier, la recherche publique en France a généralement une finalité plus large et orientée vers l'intérêt général. C'est cet aspect, en un sens plus humain que ce que l'on peut parfois retrouver dans le secteur privé, qui m'intéresse tout particulièrement. Couplé à mon attirance pour l'innovation, ce critère justifie à lui seul une grande partie de mon envie de me tourner vers ce milieu.

Au fur et à mesure de l'avancement de mon stage, j'ai pu discuter avec les différents membres du service informatique, les autres stagiaires des équipes de recherche, les doctorants, les post-doctorants ainsi que les chercheurs. Ces différentes interactions m'auront fait réaliser un deuxième aspect lié au monde de la recherche publique française : la passion et l'expertise des personnels. Cette situation s'explique, à mes yeux, par deux facteurs.

Premièrement, le milieu de la recherche est très sélectif. Le parcours nécessaire pour devenir permanent est très long et complexe, d'autant plus pour devenir chercheur. Ce premier point implique que les membres des équipes de recherche sont généralement excellents dans leur domaine.

Deuxièmement, les personnels de la recherche publique possèdent souvent un salaire moindre à ce qu'ils pourraient obtenir dans le privé. Ce facteur, couplé à la sélectivité du milieu, engendre généralement le fait que seuls les passionnés par leur domaine choisissent d'intégrer le secteur de la recherche publique.

J'ai donc réellement apprécié le cadre de travail dans lequel j'ai pu évoluer pour ces différentes raisons, sans oublier la bienveillance dont auront fait preuve les personnes que j'ai pu côtoyer.

Je vais maintenant m'intéresser à ce que m'aura appris ce stage par rapport au travail dans un contexte professionnel.

Ce qui m'a particulièrement marqué et qui constitue une différence majeure vis-à-vis de ce que l'on peut voir en cours, c'est l'autonomie et la prise d'initiative dont il faut faire preuve pour remplir une tâche. Lors des différents modules à l'IUT, les projets ont généralement pour but de faire travailler une compétence particulière pour nous entraîner sur celle-ci ou nous évaluer. Dans un contexte professionnel, tout ce dont on dispose à l'origine est une problématique. C'est face à celle-ci qu'il faudra faire preuve d'ingéniosité pour trouver des solutions. J'ai notamment été surpris au début de mon stage quand, pour concevoir le dashboard, j'ai fait appel à des connaissances acquises à différents moments sur presque deux ans de formation (là où en cours, une connaissance est généralement apprise puis utilisée directement après). J'ai trouvé très agréable de mélanger des modules étudiés pour certains il y a plus d'un an avec des connaissances apprises lors de mon stage pour concevoir différentes solutions.

Le deuxième apprentissage relatif au travail dans un contexte professionnel que je souhaite souligner est lié au fonctionnement des réunions. J'ai eu l'occasion d'en réaliser un

une dizaine au cours de ce stage avec des personnes différentes, en présentiel et en distanciel. Ces expériences auront été très intéressantes à mes yeux. Cela s'explique en grande partie par le fait qu'il faut apprendre à présenter l'avancement de son travail tout en le contextualisant, à le justifier et à discuter avec les autres personnes de potentielles améliorations ou changement par rapport au travail effectué. C'est un processus auquel j'ai rarement été confronté lors de ma formation car lorsque l'on produit un travail, les professeurs ont généralement déjà conscience des problématiques (puisqu'ils les ont imaginés eux-mêmes) et qu'une fois celui-ci présenté, il est évalué sans avoir vocation à être continué et amélioré.

Techniquement, ce stage aura été plus que formateur. J'ai pu découvrir le milieu de l'imagerie médicale à travers deux applications sur lesquels j'ai travaillé (cQUEST et BraTS). Cela m'aura permis de prendre conscience de certains des différents enjeux y étant associé, et pour ceux liés à l'étude de la reproductibilité, d'essayer d'y répondre. J'ai entre autres découvert différents formats dans lesquels sont stockés les données d'imagerie médicale, comment celles-ci pourraient être visualisées puis ensuite comparées. Du point de vue informatique, j'ai pu développer mes compétences dans le langage Python, notamment de par l'utilisation de différentes bibliothèques comme Numpy. Enfin, l'une des capacités techniques que j'ai eu la sensation de particulièrement développer pendant le développement de l'extension Girder peut s'apparenter à de la retro-ingénierie. Etant donné qu'il n'existe que très peu de documentation et d'exemple sur le développement d'extension de ce type, j'ai dû analyser le fonctionnement interne de Girder ainsi que comprendre la gestion de sa base de données et du stockage pour pouvoir créer mon extension.

Enfin, je vais conclure ce bilan sur le lien que possède le stage avec mes projets futurs. Comme indiqué plus tôt dans le rapport, je vais poursuivre mon alternance au laboratoire. Ce choix est évidemment lié au fait que ce stage aura été une excellente expérience que je souhaite prolonger. De plus, celle-ci est d'une durée de trois ans car je l'effectuerai en école d'ingénieurs, à l'INSA de Lyon (filiale informatique par apprentissage). Mes différentes réalisations lors de ce stage auront également été un facteur influant sur mon envie de poursuivre mes études en école d'ingénieurs. J'ai apprécié tenter de pallier des problèmes en imaginant plusieurs types de solutions, tout en cherchant ensuite à les mettre en pratique techniquement, à l'aide de mes connaissances et compétences. C'est en un sens ce que représente le métier d'ingénieur à mes yeux et c'est ce vers quoi je souhaiterai me tourner.

Conclusion

Tout d'abord, mon stage au sein du laboratoire CREATIS m'aura permis d'approcher le milieu de la recherche auquel je m'intéressais déjà auparavant. En ce sens, il répond déjà à une partie de mes attentes. J'ai eu l'occasion de côtoyer des chercheurs, des doctorants et des ingénieurs de recherche et leur travail aura confirmé mon attirance pour ce milieu.

Cependant, il m'aura également permis de découvrir une problématique importante de la recherche, en particulier dans l'imagerie médicale : la reproductibilité. Plus que d'en prendre conscience, j'ai travaillé à la caractériser et à développer un outil permettant de la visualiser. En effet, le dashboard et l'extension que j'ai eu l'occasion de créer durant ces trois mois de stage m'auront amené à chercher des solutions pour mettre en évidence ces problèmes de reproductibilité dans différents cas de figures. Pour répondre aux différentes problématiques de visualisation, j'ai dû apprendre et rechercher des méthodes scientifiques plus complexes que ce que j'avais pu étudier jusqu'ici.

C'est justement grâce à ces différents cas, celui de la spectroscopie et de la segmentation de tumeur, que j'ai pu acquérir des connaissances dans le domaine de l'imagerie médicale, domaine qui m'était jusqu'alors totalement inconnu. J'ai également pu découvrir, d'un point de vue plus général, le monde du travail. Que ce soit lors de réunions avec l'équipe informatique et développement ou bien pendant mes différents échanges avec mon maître de stage, j'ai appris à mieux communiquer et écouter, compétences essentielles dans le cadre du travail dans une organisation ou dans une entreprise.

Enfin, ces trois mois m'auront permis de rencontrer bon nombre de personnes passionnées et expertes dans leur domaine, ce que j'ai particulièrement apprécié. Les plusieurs dizaines d'autres stagiaires présents lors de mon stage, pour la totalité plus âgé que moi de quelques années, m'auront eux aussi guidé et aidé dans mes choix, notamment par rapport à ma poursuite d'études.

Sources

Biblio-sitographie :

[1] M. Baker. 1,500 scientists lift the lid on reproducibility. *Nature*, 533, 452-454 (2016). <https://doi.org/10.1038/533452a>

[2] N. ElTannir, C. David. La Spectrométrie du Proton par Résonance Magnétique Nucléaire in Vivo. , Projet DESS "TBH", UTC. [https://www.utc.fr/master-qualite/public/publications/qualite et biomedical/UTC/dess tbh/01_02/Projets/spectrometrie/spectrometrie.htm](https://www.utc.fr/master-qualite/public/publications/qualite%20et%20biomedical/UTC/dess%20tbh/01_02/Projets/spectrometrie/spectrometrie.htm)

[3] B. H. Menze et al.. The Multimodal Brain Tumor Image Segmentation Benchmark (BRATS), *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 34, no. 10, pp. 1993-2024. <https://ieeexplore.ieee.org/document/6975210>

[4] G. Vila, A. Bonnet, F. Chauveau, S. Gaillard, F. Durand-Dubief, S. Pop, H. Ratiney. COMPUTATIONAL REPRODUCIBILITY IN METABOLITE QUANTIFICATION APPLIED TO SHORT ECHO TIME IN VIVO MR SPECTROSCOPY. *IEEE International Symposium on Biomedical Imaging*, Avril 2023. <https://hal.science/hal-04006057>

[5] M. Des Ligneris, A. Bonnet, Y. Chatelain, T. Glatard, M. Sdika, G. Vila, V. Wagnier-Dauchelle, S. Pop, C. Frindel. REPRODUCIBILITY OF TUMOR SEGMENTATION OUTCOMES WITH A DEEP LEARNING MODEL. *International Symposium on Biomedical Imaging (ISBI)*, Avril 2023. <https://hal.science/CRNL/hal-04006152v1>

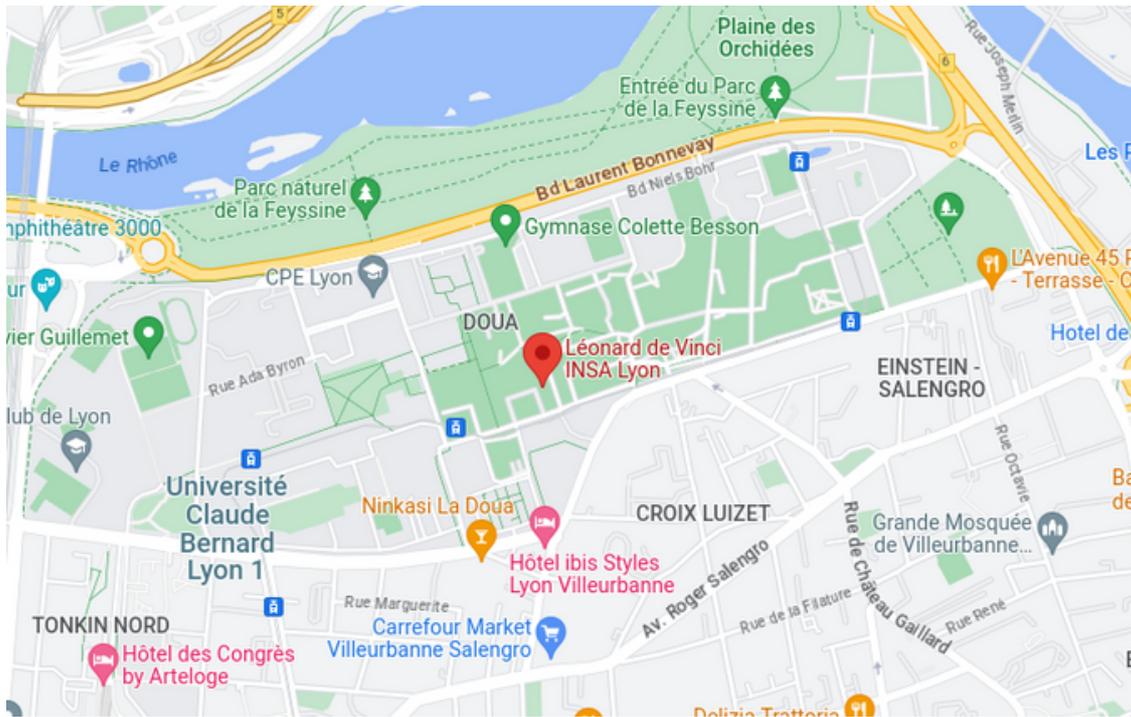
[6] Wikipedia contributors. Structural similarity, *Wikipedia*, 2023. https://en.wikipedia.org/wiki/Structural_similarity

Annexes

Sommaire des annexes :

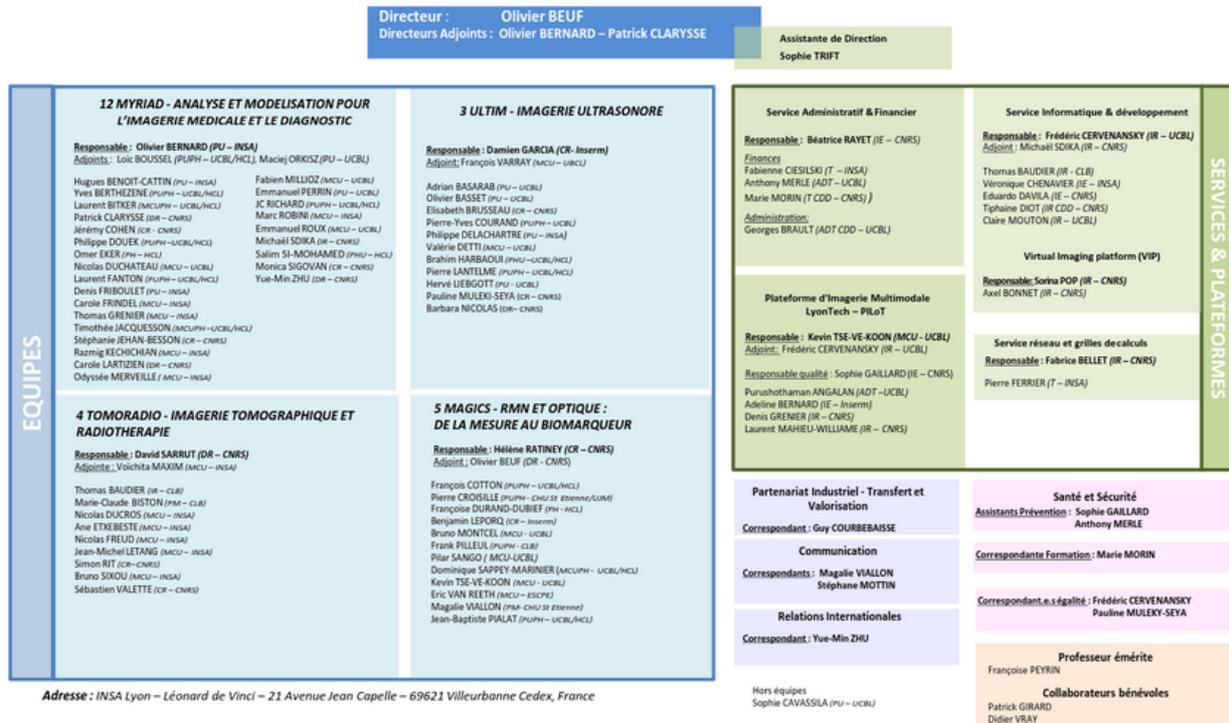
| | |
|---|----|
| Annexe 1 : Localisation du laboratoire CREATIS (Google Maps)..... | 42 |
| Annexe 2 : Organigramme du laboratoire CREATIS (10/03/2023)..... | 42 |
| Annexe 3 : Formule de la mesure SSIM..... | 43 |
| Annexe 4.1, 4.2, 4.3 : Différents rendus de la méthode SSIM avec différents paramètres..... | 43 |
| Annexe 5 : Fonction de calcul du nombre de chiffres significatifs | 44 |

Annexe 1 : Localisation du laboratoire CREATIS (Google Maps)



Annexe 2 : Organigramme du laboratoire CREATIS (10/03/2023)

CREATIS | Medical Imaging Research Laboratory
www.creatis.insa-lyon.fr



Adresse : INSA Lyon – Léonard de Vinci – 21 Avenue Jean Capelle – 69621 Villeurbanne Cedex, France

Validé au CU du 10/03/2023
Hors invités, docs, post-docs et stagiaires

Annexe 3 : Formule de la mesure SSIM (https://fr.wikipedia.org/wiki/Structural_Similarity)

La métrique SSIM est calculée sur plusieurs fenêtres d'une image. La mesure entre deux fenêtres x et y de taille $N \times N$ est :

$$SSIM(x, y) = l(x, y) \cdot c(x, y) \cdot s(x, y) = \frac{(2\mu_x \mu_y + c_1)(2\sigma_x \sigma_y + c_2)(cov_{xy} + c_3)}{(\mu_x^2 + \mu_y^2 + c_1)(\sigma_x^2 + \sigma_y^2 + c_2)(\sigma_x \sigma_y + c_3)}$$

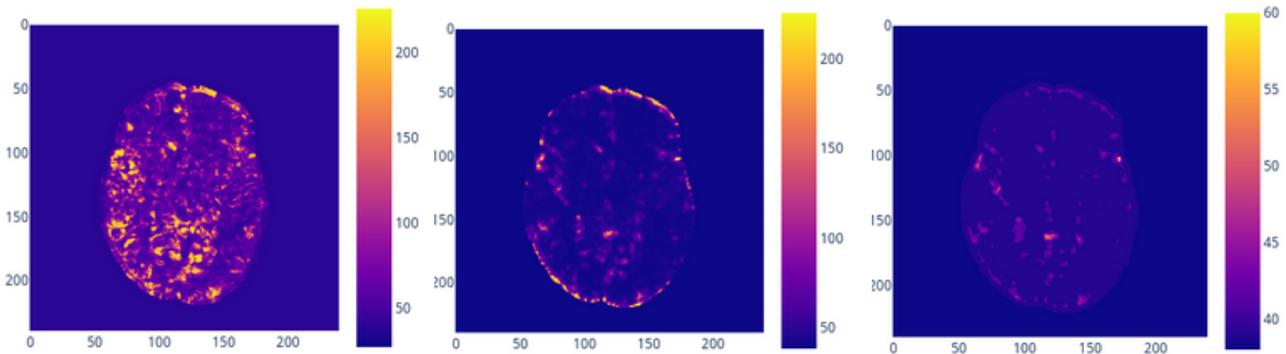
avec

- μ_x la **moyenne** de x ;
- μ_y la **moyenne** de y ;
- σ_x^2 la **variance** de x ;
- σ_y^2 la **variance** de y ;
- cov_{xy} la **covariance** de x et y ;
- $c_1 = (k_1 L)^2$, $c_2 = (k_2 L)^2$ et $c_3 = \frac{c_2}{2}$ trois variables destinées à stabiliser la division quand le dénominateur est très faible ;
- L la dynamique des valeurs des pixels, soit 255 pour des images codées sur 8 bits ;
- $k_1 = 0,01$ et $k_2 = 0,03$ par défaut.

Pour l'évaluation de qualité d'une image, la formule précédente est appliquée sur la luminance uniquement.

Typiquement, les grandeurs sont calculées sur des fenêtres de taille 8×8 . La fenêtre courante peut se déplacer pixel par pixel sur l'ensemble de l'image. Cependant, les auteurs proposent de ne considérer qu'un sous-ensemble de ces fenêtres, par exemple en réduisant leur nombre d'un facteur deux dans les deux dimensions. Ceci permet de diminuer la complexité du calcul.

Annexe 4.1, 4.2, 4.3 : Différents rendus de la méthode SSIM avec différents varier les paramètres



Annexe 5 : Fonction de calcul du nombre de chiffres significatifs sur un tableau à plusieurs dimensions selon l'axe et la base choisies

(<https://raw.githubusercontent.com/gkppapers/2020AggregateMCA/master/code/utils.py>.)

```
def sigdig(array, base=2, axis=-1):
    """Compute significant digits of array elements along axis"""
    try:
        # If we have a float, this is our value of epsilon
        eps = np.finfo(array.dtype).eps
    except ValueError:
        # If it's an int, we want to convert it to a float of the same number of
        # bits to get our estimate of epsilon
        a2_dtype = "np.float{0}".format(array.dtype.itemsize*8)
        a2 = array.astype(eval(a2_dtype))
        warnings.warn("Converting array from {} to {}".format(array.dtype,
                                                                a2.dtype),
                    Warning)
        # Re-call the function with the float version
        return sigdig(a2, base=base, axis=axis)
    # Initialize empty matrix the same size of the array
    shp = list(array.shape)
    shp.pop(axis)
    sigs = np.empty(shp)
    sigs[:] = np.NaN
    # Compute the standard deviation and handle special case 1:
    # - if no variance, maximum significance
    sd = np.std(array, axis=axis)
    c1locs = np.where(sd == 0)
    sigs[c1locs] = -np.log(eps)/np.log(base)
    # Compute the mean and handle special case 2:
    # - if mean of 0, no significance.
    # - N.B. this is the incorrect formula for zero-centered data
    mn = np.mean(array, axis=axis)
    c2locs = np.where(mn == 0)
    for c2l in zip(*c2locs):
        if np.isnan(sigs[c2l]):
            sigs[c2l] = 0
    # Otherwise, compute the number of significant digits using Parker, 1997
    c3locs = np.where(np.isnan(sigs))
    for c3l in zip(*c3locs):
        sigs[c3l] = -np.log(np.abs(sd[c3l] / mn[c3l]) + eps)/np.log(base)
    # Reset any negative values to zero
    c4l = np.where(sigs <= 0)
    sigs[c4l] = 0
    # Round up to nearest full bit, and return
    sigs = np.ceil(sigs).astype(int)
    return sigs
```